

## Human nucleic acid sequences and protein products from normal breast tissue, useful for breast cancer therapy

Patent Number: ☐ DE19813835

Publication date: 1999-09-23

Inventor(s): SCHMITT ARMIN (DE); SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND (DE); ROSENTHAL ANDRE (DE); PILARSKY CHRISTIAN (DE)

Applicant(s): METAGEN GES FUER GENOMFORSCHUN (DE)

Requested Patent: ☐ WO9947655

Application Number: DE19981013835 19980320

Priority Number (s): DE19981013835 19980320

IPC Classification: C07K14/435; C12N15/11; C07H21/04; C12N15/63; C12N1/21; C12N1/19; C12N5/10; C07K16/18; A61K38/17; G01N33/68

EC Classification:

Equivalents: ☐ EP1070125 (WO9947655), A3, JP2002506639T

### Abstract

Human nucleic acid sequences from normal breast tissue are new. A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene product comprises: (a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 43 sequences (given in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II). Independent claims are also included for: (1) a nucleic acid sequence (76 sequences given in the specification), characterized in that it has increased expression in normal breast tissue; (2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as vehicles for gene transfer; (3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together with at least a control or regulatory sequence; (5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above; (7) a process to manufacture a polypeptide or fragments, characterized in that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above; (9) a polypeptide partial sequence having one of 122 sequences (given in the specification); (10) a genomic gene, its promoter, enhancer, silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA having one of the 76 sequences; and (11) 1318, 3283 and 538 bp nucleic acid sequences characterized in that they are associated with fat metabolism and can be used to treat illnesses associated with an altered fat metabolism.

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

AG

<b>(51) Internationale Patentklassifikation</b> <sup>6</sup> :  C12N 15/00	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> WO 99/47655  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 23. September 1999 (23.09.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/00909  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 19. März 1999 (19.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 13 835.0      20. März 1998 (20.03.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTNORMALGEWEBE  <b>(57) Abstract</b>  The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof.  <b>(57) Zusammenfassung</b>  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
- 35 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( $> 2000$  Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden



Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

15 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

25 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.  
5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-85,  
10 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-  
15 117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID 178 kodiert werden.  
20

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.  
25

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.  
30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.  
35

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 enthalten.  
40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.  
45

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/  
50 oder Enhancern.

- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten
- 5 BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die
- 10 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 179, zur Verwendung als
- 15 Vehikel zum Gentransfer.

**Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

**Erklärung zu den Alignmentparametern**

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

**Erklärung der Abbildungen**

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### Beispiel 1

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
20	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236
	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254
30	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
35	Duennndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.1063			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
50	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.2925			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0874			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0462			
65	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0542			



## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:  
Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
20	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
35	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
20	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
25	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
	Duenndarm	0.0156			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
10	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
55	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0143	0.0000	undef
	Gehirn	0.0093	0.0044	2.1289	0.4698
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0064	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haefufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haefufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
60		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.1066		0.0065		16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0448		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0059		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0400					
	Duenndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0160
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0155
60		
65		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0790	0.0435	1.8185	0.5499
	Brust 0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre 0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus 0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0291			
	Duenn darm 0.0530			
	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0445			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000
60	
65	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
45	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
40	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
50	Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
55	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0232			
60				
65				



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Vernaehnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0291
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0232		0.0026		9.0924	0.1100
	Brust	0.0306		0.0044		7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0252		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0017		0.0011		1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0249		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0148		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0274		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0120		0.0267		0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0132		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291					
	Duendarm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0123	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
55	Foetal	0.0047	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
60	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

65









## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Vernaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
50	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust	0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duendarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0244			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0651	0.0204	3.1823	0.3142
	Brust	0.0400	0.0065	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0047	3.6870	0.2712
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130	0.5838
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0362	0.5922	1.6886
	Uterus	0.0430	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenn darm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0816			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.8321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
20	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0245			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0211			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0466	0.0131	3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916	1.2633
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
15	Herz	0.0265	0.0687	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0336	0.0236	1.4221	0.7032
	Magen-Speiserohre	0.0482	0.0307	1.5749	0.6350
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424	1.5567
20	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000	1.2501
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0170	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenn darm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0277
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0236
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
40	Lunge	0.0407
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0228
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0280
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0648
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0192
60	Sinnesorgane	0.1393

65



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duendarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550	3.9208
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
20	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0128	0.9322	1.0727
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
10	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0366	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duendarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0128		0.7274	1.3748
	Brust	0.0200		0.0044		4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0091		0.0078		1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0191		0.0957	10.4512
	Gastrointestinal	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0110		0.0197		0.5591	1.7887
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0137		0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075		0.0118		0.6321	1.5821
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0000		undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0240		0.0714	14.0102
	Niere	0.0149		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0019		0.0055		0.3428	2.9168
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0238		0.0192		1.2429	0.8046
25	Uterus	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0157	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0062	
	Prostata	0.0000	
45	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0136	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
55	Foetal	0.0192	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0234	
60	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0131	
	Prostata	0.0064	
65	Sinnesorgane	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
50	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					
70					
75					
80					
85					
90					
95					
100					

FOETUS  
%Haeufigkeit

35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

50	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
10	Eierstock	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0059	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
55	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
60	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0077		0.6062	1.6497
	Brust	0.1053		0.0131		8.0525	0.1242
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0059		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0201		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0012		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223		0.0240		0.9279	1.0777
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0043		0.5593	1.7879
	Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0618					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.1632					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0490					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
55	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571
	Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535
15	Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
20	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1058			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0977

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0408
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0852

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
40	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0125			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000







## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0227			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
50	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0213	0.0044	4.8926	0.2044
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0191	0.4784	2.0902
	Gastrointestinal	0.0019	0.0190	0.1018	9.8248
10	Gehirn	0.0034	0.0066	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0150	0.1066	0.1404	7.1232
	Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0182	0.0071	2.5529	0.3917
25	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0204
40	Lunge	0.0370
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65







## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647	0.3617
	Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0047	1.8435	0.5424
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenn darm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0082			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0097			
55	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				
65				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
50	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
25	Uterus	0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
55	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0271			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
10	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
15	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
20	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0312			
60	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0697			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
25	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
30	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554	0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0236
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
30	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0124			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
55	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
15	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
45	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef
		Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
10		Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
15		Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef	undef
		Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	0.0000
20		Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	0.0000
25		Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0000				
		Duenn darm	0.0000				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
		Samenblase	0.0089				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS							
35		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0000				
		Gehirn	0.0000				
40		Haematopoetisch	0.0000				
		Herz-Blutgefuesse	0.0000				
		Lunge	0.0000				
		Niere	0.0000				
		Prostata	0.0000				
45		Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
50		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0114				
		Endokrines_Gewebe	0.0245				
		Foetal	0.0006				
55		Gastrointestinal	0.0122				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0000				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0000				
60		Nerven	0.0010				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
65							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0195	0.0164	1.1854	0.8436
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0115	0.0142	0.8073	1.2386
	Duenndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0089	0.5432	1.8409
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0111	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0076	0.0448	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 162

		NORMAL	TUMOR	Vernaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0123	0.0042	2.9223	0.3422
	Dickdarm	0.0096	0.0028	3.3639	0.2973
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0195	0.1646	6.0749
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
	Niere	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0276	0.2142	4.6688
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0542
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 163

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0041	0.0030	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0680			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 164

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0035	2.2634	0.4418
	Gehirn	0.0168	0.0080	2.1034	0.4754
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0092	0.3157	3.1673
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0085	0.0091	0.9302	1.0750
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 165

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0106	0.0028	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 168

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 170

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0194	0.0056	3.4442	0.2903
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0069	0.0140	0.4974	2.0106
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 171

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 172

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duendarm	0.0137	0.0107	1.2883	0.7762
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0090	0.0645	15.5103
	Haut	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0192	0.3778	2.6466
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0037	4.1750	0.2395
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0132	0.0052	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0322	0.0918	10.8939
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0096			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 173

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0014	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0089	0.0000	undef
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0203
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 175

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0312	0.0047	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.1277	0.1383	7.2297
	Gehirn	0.0220	0.0100	2.2050	0.4535
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0244	0.0275	0.8861	1.1286
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0078	0.0037	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0145	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Prostata	0.0075	0.0078	0.9647	1.0366
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0103	0.0046	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0375			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0353			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_r	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 176

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0202	0.0028	7.2014	0.1389
	Dickdarm	0.0057	0.0142	0.4037	2.4773
	Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0058	0.0020	2.9013	0.3447
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 177

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0089	0.1811	5.5227
	Gehirn	0.0023	0.0050	0.4642	2.1542
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0026	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 178

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase 0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust 0.0070	0.0042	1.6699	0.5988
	Dickdarm 0.0172	0.0114	1.5138	0.6606
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock 0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe 0.0080	0.0018	4.5268	0.2209
	Gehirn 0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0046	0.0190	0.2441	4.0959
15	Herz 0.0112	0.0137	0.8122	1.2312
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0214	0.0240	0.8905	1.1229
	Magen-Speiserohre 0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas 0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Prostata 0.0104	0.0182	0.5685	1.7591
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0053			
	Penis 0.0107			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
30				
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0108			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0242			
45	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0340			
	Brust_t 0.0000			
	Dickdarm_t 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0081			
	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0194			
60	Hoden_n 0.0000			
	Hoden_t 0.0000			
	Lunge_n 0.0293			
	Lunge_t 0.0000			
	Nerven 0.0030			
65	Niere_t 0.0000			
	Ovar_Uterus 0.0045			
	Prostata_n 0.0061			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

5

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

20

### Beispiel 3

## 25 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

30

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

35

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

40

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

45

50

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz



eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

- 5 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

- 10 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15

#### Beispiel 4

20

#### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

- 25 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB),
- 30 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

- 35 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
- 40 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).
- 45

**Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)**

5

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest. Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Research Genetics sind unterstrichen.

Brust Normal

30

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	174/F/16				
12	388/D/5	393/M/24	494/B/3	502/B/23	
13	203/A/1	233/B/22	392/L/10	311/J/7	
15	<u>248/C/14</u>	<u>266/E/16</u>	<u>528/D/3</u>	<u>266/E/17</u>	<u>506/P/12</u>
19	<u>113/G/13</u>	191/B/19	202/O/3	250/O/19	
21	137/H/19	231/I/10			
22	165/N/5	208/D/7			
26	6/L/15	11/I/17	117/E/15		
28	<u>501/L/21</u>	<u>367/D/6</u>			
31	<u>369/H/21</u>	<u>429/I/13</u>			
34	108/M/13				
37	289/C/11				
42	59/A/20				
43	<u>325/J/11</u>	<u>448/O/2</u>	<u>563/F/18</u>		
57	4/G/9				
58	229/O/21	233/F/12			
59	97/P/23	109/A/1	125/H/9		

60	<u>503/P/21</u>		
61	<u>3/P/21</u>	188/B/9	
63	176/A/22		
69	425/E/10		
71	178/I/19	242/B/6	242/B/11

TABELLE I

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
1	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neuer humaner Prä-mRNA Spleiß-Faktor, der zur einer Genfamilie mit TPR (Tetratricopeptid repeats)-Motiv gehört.	"TPR"-Region	unbekannt	unbekannt	205	2031
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		3q29	zwischen D3S1265 und D3S1311	248	1081
3	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Homolog des Perilipin A aus Ratte.		15q26.1-qter	SHGC-6068; zwischen WI-7918 und SHGC-14718	247	1318
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	731
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		15q26.1-qter	D15S120-15qter	237	2719
10	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein humanes Ortholog des fsp-27 (Fett-spezifisches Protein 27) der Maus.		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	1471

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
13	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane LOT1 (Lost On Transformation 1).	"ZINC_FINGER_C2H2_2"-Domäne	6q23.3-q24.3	zwischen D6S308 und D6S978	214	2738
14	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane SGN3 (die Untereinheit 3 eines JAB1 enthaltenden Signalosoms).	"PCI_DOMAIN"	17p12-q11.2	sts-W80395; zwischen D17S922 und D17S798	225	1710
15	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues Zinkfinger-Protein des LIM-Typs.	"LIM"-Domäne	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC4-259 und SHGC-33782	228	3159
16	im normalen Brustgewebe erhöht	Der humane nukleärer Faktor I-B2 (NFI-B2).		unbekannt	unbekannt	249	1680
18	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Dermotopontin.		1q12-q23	unbekannt	188	1722
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	1612
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.1	SHGC-32865; zwischen SHGC-3911 und SHGC-36303	248	1304

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
22	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist verwandt mit der schweren Kette H3 des humanen Inter-alpha-Trypsin Inhibitors. Dieser spielt möglicherweise eine Rolle bei der Stabilisierung der extrazellulären Matrix.		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1533
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1304
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2403
25	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2517
26	im normalen Brustgewebe erhöht	Die pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors.	"neur_cha n"-Domäne	5q34	AFM304xd5; zwischen AFM080xh11 und SHGC-5539	268	1668
28	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist möglicherweise das Ortholog des Neuronalen Membran Protein 35 (NMP35) der Ratte.	"UPF0005" -Domäne	2q35	SHGC-35278; zwischen D2S164 und D2S163	244	1768

<b>lfd. Nr.</b>	<b>Expression</b>	<b>Funktion</b>	<b>Module</b>	<b>Chromosomale Lokalisation</b>	<b>nächste Marker</b>	<b>Länge EST (bp)</b>	<b>Länge der angemeldeten Sequenz (bp)</b>
29	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane $\beta$ -Spectrin.	"PH"-Domäne und "Spectrin"-Domäne	2p16.1-16.3	zwischen D2S123 und D2S378	247	3479
30	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p21.2-p21.3	SHGC-35668; zwischen D7S714 und D7S2564	88	933
31	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz stellt wahrscheinlich das humane Ortholog des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (SREBP-2)" des Hamsters dar.	"LM"-Domäne	12p11.21-q13.11	zwischen D12S1648 und D12S1620	269	2783
32	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Protein Kinase A Anker-Protein; es bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A.	"KH"-Domäne und "TUDOR"-Domäne	17q22	zwischen D17S790 und D17S794	265	3411
33	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Mi-2 Autoantigen, es handelt sich hierbei vermutlich um eine Helicase, die die Transkription aktiviert.		12p12.3-p13.33	zwischen D12S93 und D12S77	244	1393
34	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q25.1	SHGC-14061; zwischen ATC3 und AFMa273ye1	258	1236
35	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "obese protein" (ob).		7q31.3	zwischen D7S686 und D7S530	237	749

I fd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
36	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Duffy-Antigen (DARC-Gen).		1q22	zwischen D1S484 und D1S426	271	1251
37	im normalen Brustgewebe erhöht	Dieses Protein hat eine ca. 50%ige Aminosäure-Identität zu S3-12, einem Plasma Membran-assoziiertem Protein, das während der Fettzellen-Differenzierung exprimiert wird.		unbekannt	unbekannt	199	3283
38	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Semaphorin E; es vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz.		7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2720
39	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane alpha-B-Crystallin-Gen, ursprünglich als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	"crystallin"-Domäne und "HSP20"-Domäne	11q23.1-q23.2	zwischen D11S1893 und D11S938	247	1036
40	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane extrazelluläres Protein S1-5.	"EGF_CA"-Domäne	2p11.1-12	zwischen D2S2371 und D2S388	265	2659
41	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Lipoprotein-Lipase.	"Lipase"-Domäne	8p22-p23.1	zwischen D8S261 und D8S258	252	2939



Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
42	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane sFRP ("secreted frizzled-related protein") spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis).		8p11.21-p12	zwischen D8S1791 und D8S268	404	3670
43	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q23.32-q25.1	WI-14063	259	1025
45	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist wahrscheinlich das humane Ortholog eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus.		unbekannt	unbekannt	328	538
47	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Plazenta "copper monamine oxidase".		17q12	SHGC-3147	256	360
48	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"HSP20"-Domäne	1p36.13-p36.23	zwischen D1S434 und D1S507	157	2192
49	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "ras-like protein".	"ras"-Domäne	2p16.3-p21	zwischen D2S391 und D2S123	305	2952
50	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	615
51	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q12.1-q13.1	SHGC-35409; WI-7266 - D11S2006	290	1488
53	im normalen Brustgewebe erhöht	Das YAP (Yes-associated protein); es bindet an SH3-Domänen.		11q21.1-q22.3	D11S1339	289	2262

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
54	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane B4-2 Protein.		6q16.2	SHGC-31472	306	1301
56	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane "Lange Ketten Acyl-CoA Synthetase".		4q33-q35.2	zwischen D4S408 und D4S426	269	1265
57	im normalen Brustgewebe erhöht	Das "Prepro-Melanin-konzentrierende Hormon (prepro-melanin-concentrating hormone)".		12q22	AFM263ZD1; zwischen SHGC-15767 und SHGC-9350	247	274
58	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q22.3-2q23.2	SHGC-36777	270	2073
59	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein mögliches neues Mitglied der humanen tob-Genfamilie.		21q11.1-q21.1	SHGC-11705; zwischen D21S1886 und D21S1256	205	850
60	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2091
61	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zum Kryn-Gen der Maus.	"SH3"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	2952
62	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11p15.3	AFM166zel; zwischen SHGC-5993 und SHGC-13819	223	2313

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
63	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q24.1-q24.3	SHGC-1305; zwischen CHLC GATA22H09 und WI-7620	192	1650
64	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zur UMP-CMP Kinase des Schweins.	"Adenylate -kinase"	1p32.3-p36.12	SHGC-36697; zwischen D1S2843 und D1S417	223	2851
65	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		4p15.1	WI-15951; zwischen D4S1043 und SHGC-16179	221	1071
66	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane cAMP Phosphodiesterase.	"PDEase"	8q13.1	CHLC GATA86D08; zwischen SHGC-9281 und AFMa084wc5	199	2375
67	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Antigen CD 36.	"CD36"-Domäne	7q11.23	sWSS1455	221	1823
68	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich ein humanes Ortholog des Hefe S. pombe sad1+ Gens.		7p22.3	SHGC-34866; zwischen SHGC-10715 und SHGC-32510	248	2403
69	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		5p15.33	zwischen D5S477 und D5S426	230	1246
71	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Protein, das eine SH3-Domäne enthält. Diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation.		8p21.3	SHGC-30970	263	1950

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
72	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt; auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A.		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	814
74	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich das humane Ortholog des Maus Sox-18. Die Sox-Proteine stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse steuern. Sox-Gene weisen eine sog. HMG-Box ("high mobility group") auf. Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor") des Menschen.		unbekannt	unbekannt	264	747
76	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17p13.3-q25.3	AFM163yg1	296	2419

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
161	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.1	"RGS"-Domäne; "ATP-synt_B"-Domäne; "TPR_Region TPR_repeat"; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	unbekannt	unbekannt	205	3096
162	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.4	"CNH"-Domäne; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	1987
163	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.10		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
164	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.11	"TK"-Domäne	17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
165	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.12	"Polyoma_coat2"-Domäne	2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	2770

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeideten Sequenz (bp)
166	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.15	LIM; Ran_BP1; NLS_BP Bipartite nuclear localization signal	4p14	SHGC-435; zwischen SHGC-259 und SHGC-33782	228	4242
167	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.19	"UPF0024"-Domäne	1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	2640
168	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.22		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1558
169	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.23		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1388
170	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.24	"ribonuclease_T2"-Domäne	10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2416
171	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.25	"TK"-Domäne	2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2720
172	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.38	"ig"-Domäne	7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2987
173	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.50		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	892

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
174	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	11q12.1-q13.1	SHGC-35409; zwischen WI-7266 und D11S2006	290	1679
175	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 60	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2411
176	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 61	"SH3"-Domäne; "IL-6"-Domäne; "toxin_2"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	3450
177	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 72		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	874
178	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"PH"-Domäne	9q34.11-q34.12	stSG3880; zwischen D9S1821 und D9S159	242	3265

## TABELLE II

**DNA-Sequenzen****Seq. ID. No.**

1

2

3

4

5

10

11

12

13

14

15

18

19

21

22

23

24

25

28

**Peptid-Sequenzen****Seq. ID. No.**

77

78

79

80

81

82

83

84

85

87

88

89

90

91

92

93

95

96

97

98

99

100

101

102

103

104



**DNA-Sequenzen**

Seq. ID. No.

30

31

34

37

42

43

45

48

50

51

53

54

57

58

59

60

61

62

63

64

65

68

69

71

72

74

76

**Peptid-Sequenzen**

Seq. ID. No

105

106

107

108

112

113

114

115

116

117

119

122

124

125

126

128

129

131

132

133

135

137

138

139

140

141

142

143

144

145

146

147

148

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

**DNA-Sequenzen****Seq. ID. No.**

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

**Peptid-Sequenzen****Seq. ID. No**

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

## Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
(C) STADT: Berlin  
(E) LAND: Deutschland  
(F) POST CODE (ZIP): D-14195  
(G) TELEFON: (030)-8413 1672  
(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 183

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk  
(B) COMPUTER: IBM PC compatible  
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
ATTGCATCAG CCCGCCTGGA AGAAGTCACT GGGGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 50
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCTCTT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAAG CCCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGGTTTCGCT TGTGGAAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCTTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TCGGTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
AAGAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCCG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCC GGTGTTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCAAGA TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCCTATGA GGACTTCCC AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCCTCCA CACCCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGC GGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTCGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTTGGA 1620
GTCAGCGGAA GATACCAAG GCCAGGGAGT GGTTCCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGCGCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGG C 2031
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```
AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGTTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCCTTTT CATTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTTCTC 540
ATTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACTTAG CAACAAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAAC TAAGTAAAGT CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTC TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A 1081
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCGACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCGCGC 120
GCCCCGGGGCC SGCGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACCC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTAAACCAA CTTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTGAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTTG CATCATTACT 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCCGA GCTCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAGTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAATG 1318
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600
CTTTCAGTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
AAGTAAAGG A 731

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGCATTTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCT TTTTACTTT TTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
TGGTCAATTT CCTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAGG 360
CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
TAAGAGTAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCT TAGGAAAAAA TTAATTGCCA 720
TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780
CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840

```

```

CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATTT 900
CATTTTTTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTTT CTGGAGTGGC 960
CAGTTCCCTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020
CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080
GACTGCAGCT GGACCGGCAA GCTGGCTGTG TACAGGAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140
GTGCCTCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCCT CCATTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200
CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260
ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320
GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380
GGACGGGCCT GGGGGGCGAG AAAGGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440
AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTCAATTGGA TTCATTTTAT 1500
TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAAA 1560
GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTtagT TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620
TCAGCTGTAT TTCCAGTAAC ACAGCATCAT CGCACTGACT GTGGCGCACT GGGGAATAAC 1680
AGTCTGAGCT AGCACCACC TCAGCCAGGC TACAACGACA GCCTGGAGG GTCTTCCCTC 1740
TCAGATTACAC CTGGAGGCC TCAGACCCCC AGGGTGCACG TCTCCCCAGG TCCTGGGAGT 1800
GGCTACCGCA GTAGTTTCTG GAGAGCACGT TTTCTTCATT GATAAGTGGG GGAGAAATGC 1860
AGCACAGCTT TCAAGATACT ATTTTAAAAA CACCATGAAT CAGATAGGGA AAGAAAGTTG 1920
ATTGGAATGG CAAGTTTAAA CCTTTGTGT CCATCTGCCA AATGAAC TAGATTGTCAG 1980
ACTGGTATGG AGGTGACTGC TTTGTAAGGT TTTGTCTGTT CTAATACAGA CAGAGATGTG 2040
CTGATTTTGT TTTAGCTGTA ACAGGTAATG GTTTTTGGAT AGATGATTGA CTGGTGAGAA 2100
TTTGGTCAAG GTGACAGCCT CCTGTCTGAT GACAGGACAG ACTGGTGGTG AGGAGTCTAA 2160
GTGGGCTCAG TTTGATGTCA GTGTCTGGGC TCATGACTTG TAAATGGAAG CTGATGTGAA 2220
CAGGTAATTA ATATTATGAC CCACTTCTAT TTACTTTGGG AAATATCTTG GATCTTAATT 2280
ATCATCTGCA AGTTTCAAGA AGTATTCTGC CAAAAGTATT TACAAGTATG GACTCATGAG 2340
CTATTGTTGG TTGCTAAATG TGAATCACGC GGGAGTGAGT GTGCCCTTCA CACTCTGACA 2400
TTGTGACATT GTGACAAGCT CCATGTCCTT TAAATCAGT CACTCTGCAC ACAAGAGAAA 2460
TCAACTTCGT GGTGGATGG GGCCGGAACA CAACCACTCT TTTTGTATTT ATTGTTACTG 2520
AGACAAAACA GTACTACTG AGTGTTTTTC AGTTTCCTAC TGGTGGTTTT GATATTGTTT 2580
GTTTAAGATG TATATTTAGA ATGACATCAT CTAAGAAGCT GATTTTGCTA AACTCCTGTT 2640
CCCTACAATG GGAAATGTCA CAAGAATGTG CAAAATAAAA AATCTGAGGA AAAAACCCAA 2700
AAAATTCCTA AAGAGAATG
2719

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gggccgggca gccagctga aggaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
ctagccgggc ataggggcga gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgccc 120
cccgtgaag agaagctcg ccacaccgg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag 180
ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcgttatca 240
ctcttcgtag acatgatccg ccactacgtg tccatccctgc tggagagcga caagaagctc 300
accaggaac aagtatctga caggggacga ggcaccaca gtccctctcc cataagcctg 360
ccaagaagat tgatgtggcc cgtgtaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tcctatgata 480
tgcactgctg tggggccaag cgcacatga aggaagcttt ccgctgggccc ctcttcagca 540
tgcaggccac aggcacgta ctgcttgga cctcctgtta cctgcagcag ctcttcgatg 600
ctacggagga aggcagccc cccaaggcca aggcctcatc ccttatcccg acctgtctga 660
agatactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgacg gacctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcatgaagt ctgcccctca 960
gcagtcgggc ctcacaggct gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatccca 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatac tagcatgtga tattaggagg tttgcaataa 1080
attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aaggaggga 60
gggggcagga cagtgtggaa tctctagggt gtatgggtag gtagggggca cagttagttc 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagggt 180
tccccctcct gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240

```

```

gggaaggctt taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
tgggtctcag tgcagaggga cagtgaactgt ggatgggtgc agtctctggt gggagggtgag 360
gatagaagtg ataaaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggtctgt agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aatagggtgt ggggtgggtt tgggggtggg 540
tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaactc tcgtgtaggg 600
ttgacaatgt gggggggttg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aatacccttc cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgc 720
ttgtgatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtggtgact gagttccctt tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta ttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc cccctgccct cccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
catctctccc tcatctctgg agcagggcct gagacctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgctc ttttgacat taaagggtga ttgatgcaa acaactttac aacggggtgg 1020
cttggggaag cctggggttg gccggcttat ggggttgccg cg 1062

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca tgagccactg taccagcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
acacctttat ccctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgccctt gcaagggtcta 120
tatgtaaaag aaatctgaaa tttagctgta gaataaaact tgataaataa aaagaaaaaa 180
catacatttc tccagttggt ttgctctttg cttgttgaag taataaaccg ttttaaagag 240
aaaatacttg ctgtaaaccc ccagtgcctt caactctttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
atccagcaag caaactttga ggtgctaatt aaagttaaagg aagggtggtat ttctagtttt 360
ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggggtc tggctgcttt 420
ctaccaaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaggg tgatgggtgaa cactacatat 480
tttatagatg gttaagtga gaattaatta tgtttatcat ggatgggtac taataccaag 540
ctcatgattg ttgcagcctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaaggg 600
ggagaaaccc ttatatattt caaactgtcc attcgttaa tttattgtaa cctaatacca 660
aaaactgccg tttttcatat tatttcccca cctcctactt tttttttttt tttttgttac 720
ttgtaaaata accccttcta gaaaataagc attaactgga atgtttcaaa caattttgct 780

```

```

tcatttttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacattttaag ataaaaattag 840
cttgtgctaa gtgtttttaa aacattgttt actgtttaaag gggaattgca cattatatatt 900
aactgggatt gctccctccc tcagttcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
tgtaggctgt gggagctttg ccataggtag atacaatgta gaagtatact tttttaaaagc1020
atgaagaaga caaggaactt cattataatg taccaggtag aggacattat tattcaaaggi1080
attatgcaca gctcagtgaa gatgaagtta caatttttct cgcagctttg ttgctattatl1140
tttcttctgc ataaatgtat gctcatttca ttatgtgcct tgctccctga ttgtgcaaag1200
cttatatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatatat1260
tcagtactac tgaggatgtt tttctgagga tgtttttgtt ctgctggatt aagttatttt1320
ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgt1380
acagtcagtg taaatgtttt tcattttacat gttttcatta tatcagctta tcaaattcct1440
aataaaaaaa attcatagat ttcattttaa c 1471

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2738 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gctccgtgcc agcatgctac cctgggaggc acatccaggc ttgggaaacg ggggtgtcct 60
ggatctcatg actccagcag caccagctgc tctctttcct cttccaagta gacttccgtt 120
cccccccccac ttgggtgttt ttgtttgttt tagcaattca gagctcaaga taaagacctt 180
aaagataact ttgtgtgtct ctccctttct aggtatttgc ataggaatca gaggagttaa 240
tcttgtctct tctcacaggt ttgaatcttc agacaaactt ctgggaggac tcggtccatg 300
cctgcagca gatgttccct gtcaatcagt aggcaaattg gctacccatt ctcccagaa 360
atctcaccag tgtgtcact gtgagaagac gttcaaccgg aaagaccacc tgaaaaacca 420
cctccagacc cagcacccca acaaaatggc ctttggtgtg gaggagtgtg ggaagaagta 480
caacaccatg ctgggctata agaggcacct ggccctccat gcggccagca gtggggacct 540
cacctgtggg gtctgtgccc tggagctagg gagcaccgag gtgctactgg accacctcaa 600
agcccatgag gaagagaagc cccctagcgg aaccaaggaa aagaagcacc agtgcgacca 660
ctgtgaaaga tgcttctaca cccggaagga tgtgcgacgc cacttggtgg tccacacagg 720
atgcaaggac ttctctgtgc agttctgtgc ccagagattt gggcgcaagg atcacctcac 780
ccggcatacc aagaagaccc actcacagga gctgatgaaa gagagcttgc agaccggaga 840
ccttctgagc accttcacac ccattctgcc ttcatccaa ctgaaggctg ctgccttgcc 900
tcctttccct ttaggagctt ctgccagaa cgggcttgca agtagcttgc cagctgaggt 960

```

```

ccatagcctc accctcagtc ccccagaaca agccgcccag cctatgcagc cgtgcccaga1020
gtccctggcc tccctccacc cctcggtatc ccctggctct cctccgccac cccttcccaal080
tcacaagtac aacaccactt ctacctcata ctcccaactt gcaagcctgc ccctcaaagc1140
agatactaaa ggttttttga atatcagttt gtttgaggac ttgcctctgc aagagcctca1200
gtcacctcaa aagctcaacc caggttttga tctggctaag ggaaatgctg gtaaagtaaa1260
cctgcccagg gagctgctg cagatgctgt gaacctaaac atacctgect ctctggacct1320
gtcccccttg ttgggtttct ggcagctgcc ccctcctgct acccaaaata cctttgggaal1380
tagcactctt gccctggggc ctggggaatc tttgcccac aggttaagct gtctggggca1440
gcagcagcaa gaacccccac ttgccatggg cactgtgagc ctggggccagc tccccctgcc1500
ccccatccct catgtgttct cagctggcac tggctctgcc atcctgcctc atttccatca1560
tgcattcaga taattgattt ttaaagtgt tttttcgtat tctggaagat gttttaagaal1620
gcattttaaa tgtcagttac aatatgagaa agatttgga aacgagactg ggactatggc1680
ttattcagtg atgactggct tgagatgata agagaattct cgaactgcat gtattgtgcc1740
aatctgtcct gagtgttcat gctttgtacc aaatttaatg aacgcgtggt ctgtaataca1800
actgcaataa ttgtcataac caacatccaa aatgacggct gctatatata agtgtttgtc1860
atatggaatt taatcgtaag ccatgatcat aatgttaact aaataacttt atgtggcact1920
gcctagtaag ggaactatgg aaaggtttgg atttctccaa atctgggaga attttcaaaa1980
taagaaaata acctttatat gatatactat gactaggctg tgtatttctt ttcagggaatt2040
tttctacctt cagggttggg tgtagtttag ttactattac catagccaac ctgtagtttt2100
acatatatat tttctgtgg agcaatagag ttctccattt tacagaagca ttttaaatgt2160
agtttgaata tttccacaa gatgctgcaa tgtgagttat cacttcattt atcttaaaaga2220
aagactaaac tggttgtcag ttacatctga cagaaaaaaa aaaaaaatca ctgtgtaacc2280
aggttaagtg gtaaaataat ccaggcgtca gtcaaaggca ttttgctgac ttaatatattg2340
attatatatt taacaggaat ttaagaaaat attactggaa ttaaaaatat atatata2400
aacaagaatt ttctttgctc tgtctagctt aaactactac tcaagctgct taagttctta2460
agtattgttt gtaatcacca ataaataagt gcatttgtaa ttcacagtc attattagct2520
tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggatctta2580
ttaatgagtt ttaaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctccattgt cttatgtttt2640
tagaggcttt tccgtaaaaca tatatcttac atataataaa cttttcaaat cttgcaaaaa2700
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa

```

2738

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1710 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cgccggcgcc cctcctccca gagcggcagc cttttccgc gcggtgctgc ttcccgctc 60
gggcccgcgg ggggaaaaca tggcgctctg cctggagcag ttcgtaaca gtgtccgaca 120
gctctcagct caagggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaact 180
ccttgcaag aacttatccc atctggacac tgtgctcggg gctctggatg tacaagaaca 240
ctccttgggc gtccttgctg tttgtttgt gaagttttct atgccagtg ttctgactt 300
cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcact tgtaatgggg agcacattcg 360
atatgcaaca gacacttttg ctgggctttg ccatcagcta acaaatgcac ttgtggaaag 420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatcttt gagaacttat ctgaaagaga 480
tgtcattttt gacagccctt gcgaggaatt ggcatcctta agcaagccat agacaagatg 540
cagatgaata caaacagct gacctcaata catgctgac tctgccagct ttgtttgcta 600
gcaaaatgct ttaagcctgc cttccatat cttgacgtgg atatgatgga tatctgtaa 660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
tatactgggc tgaagaactt tgaaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
cctgccatgg cggtcagtca tatcatgttg gaatcatata aaaagtatat tttagtgct 840
ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta ccaaatata catctcaaat tgtgggtaga 900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttagcac aagtgtattc aaccaacaac 960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtgaac cttcactcg cgataacaac 1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaattattc gaggctaaca 1080
aagacctttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct 1140
caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt 1200
aaccagaagg acggtatggc cagtttccat gataaccctg aaaaatataa taaccagacc 1260
atgcttcata acattgatca ggagatgctg aagtgcattg agctggatga gcggtgaaa 1320
gccatggacc aggagatcac agtgaacctt cagtttgtag aaaagagtat gggctcacaal 1380
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattcttgaa actaacatcc atcctgagct 1440
aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggagggcagc agagaggacc 1500
aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg 1560
tgctttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaa ctttaaagtc 1620
tgtcgtggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1680
aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa

```

1710

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
gtggaaagaa gctgtgctct tccgtgtggc ttcctttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatctctat ttccacatcc agtgtttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaga tgcagtgaat gggacggatg ttaggattcg aaatgggtct ctgaaactga 240
atgattgcta catgcgatcc agaagtgcg ggcagcctac aacattgtga caccgctttc 300
aagcttccgg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatctc tgaaaggctc ttctgaaagg 420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt tttgggtttt 480
tgtttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tgggggttgta atgatcctga 540
atagctcaaa aaagggtttta gcatggtcaa acaggcttat ggtttaaaat gtgttattct 600
cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
ttaaacactt tatgtttaca gaattgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
cacacggctt tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagctctat ctctgagcta taatttgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgactaatata 840
tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt accttggag gtagaaatta taccaataaa 900
ttattgcacc gttagtatta gattctgtgt accttggag ttatgtcatt aatataggct 960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcaat atcagctaga tttaactcc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata ttccagtcatt ctttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaag agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttctct cgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgctc cccttgcctg 1260
caagttctcc ttaaggccct gaagcacagg tgtccaaaaga aaagcgtaa gtccatctta 1320
atagaatcta tgtgttatat gatgtggtca gccctgtgtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
agcacagatt atgccctgcc cacttcaatg aatacctact ctctccatt ctccactac 1440
ttttttgcta tcaagaactc cggaccttgc ccatggagaa gtttagagag gactcttgt 1500
ggagagctgg tttattttct gccctgtgag acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggt tttttgtttt ttgtgttaal 1620
gactggggaa agggggacta tttattctgc cttaaatcaa tggcaaataa gtcaagatga 1680
cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatg 1800
ctagcgatta tttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtga 1860
gaaatttctc cagccactgg agggatttct accatatatt tcatattggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcatggagg tgtttgtctg tttaacaggaa aaaaaaagaa taaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaaa atgtacagat caagtccaat 2160
attttgatta tccacctgca tgttttatta aatattttga taatgtggat gtttacactt 2220
tgcattgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaaccattt atacatattt cttagttagg 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcc aactgtttct tttatatatt atttatattt catttgagat 2580
ctgttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataatgagta 2640
tgattctattt cttttcaaat aatctttgag atcccaggaa aaaaaaaatg ctctgtccaa 2700
ttgagctata atgtaaatgt gtttgtttta aaaaacaggtg aggcaagtga gtgatttatt 2760
gttctctgag aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt ccctactctt 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tcactagoga acttccatga catttctttt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagtatat atacacagtg taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtggt ctatatcggt tatactaact ttcatttaaa gtatttattt taaaatgctt 3060
ctgagaaaca gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa 3159
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1680 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
aataatttga tgcattctgga atttatattt ctcattattgt tctagatttt aacattgtat 60
ttttttcttt tttcttccct cctgctgcc tctctcctct caacagtcct ggtacctggg 120
ctagcttggt tcctttccaa gtgtcaaata ggacacccat cttaccggcc aatgtccaaa 180
attacggttt gaacataatt ggagaacctt tccttcaagc agaaacaagc aactgaggga 240
aaaagaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatttc actgatggta gatgcagcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggtttagtat tcttgttgtt 600
tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgctcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagttatcag tacagattta ttaaatttcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa cccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taagggggaa tcatgattat aagtccttca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta ttttccctc agtttttgag ggcattaaaa 1140
aggcattaaa tcaagacaaa tcatgtgctt gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg tttagctgca gcctccttgg aggtagaatt tatttattta aaattactgg 1260
ttgcatcaag aacccatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag ttacaaaact gggaaacgcc 1380
gggtgtagga tataaaaacg cactcttgag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
tgcatgggtc tttcagacat tagccttggt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aattttaatt aaaaatactc 1560
ttccagtaa tctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
```

atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgctgcatg cccacgccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgg 300
gggaggagat caacagggtt ggcatggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtggt cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaaatggac atgatttccct acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaattgtt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cgggacaggg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagtttctg ctgctctctt tccttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttccctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaaccat gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagtccag catagtggag gggagaggca gaactggagg1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgtg ggttccccac1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttcccactc ccctgctcca catgagccat1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggaggtg1200
aaatggggaa atggaagggg ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttcctg1260
aattagaaga caaacgttag catacccagt aaggaaaaatg agtgcagggg ccagggggaac1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg1380
ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaal440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620

```



gagatggcgc tatcttttcc cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680  
 ttacaaaaga aataaaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

ggccatggaa attaaagttg aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60
aattacctct gccatcagat gacttttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatgggc 120
aaaagtccag gtatgcagta agttctaatc acagtgcagc atacaatggc accgatggcc 180
tggcaccagt tgaagtagag gaactttctaa gacaagcctc agagagaaac tctaaatccc 240
caacagagta tcatgagcct gtatatgcca atccctttta caggcctaca accccacaga 300
gagaaaacgt gacccctgga caaaactttc aagaaaaggt aaagattaaa actaatggac 360
tgggtattgg tgtaaatgaa tccatacaca atatgggcaa tgggtctttca gaggaaaggg 420
gaaacaactt caatcacatc agtcccattc cgccagtgcc tcatccccga tcagtgattc 480
aacaagcaga agagaagctt cacaccccg c aaaaaaggct aatgactcct tgggaagaat 540
cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcaccct ctccaaagcc aaggctgagc cccagagaga 600
caatatttgg gaaatctgaa caccagaatt ctccaccac ttgtcaggag gacgaggaag 660
atgtcagata taatatcggt cattccctgc ctccagacat aaatgataca gaaccggtga 720
caatgatttt catgggggtat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780
caggatatga tgggatcatc catgctgagc tggttgtgat tgatgatgag gaggaggagg 840
atgaaggaga agcagagaaa ccgtcctacc accccatagc tccccatagt cagggtgtacc 900
agccagccaa accaacacca ctctctagaa aaagatcaga agctagtctt catgaaaaca 960
caaatcataa atccccccac aaaaattcca tatctctgaa agagcaagaa gaaagcttag1020
gcagccctgt ccaccattcc ccatttgatg ctccagacaac tggagatggg actgaggatc1080
catccttaac agctttaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggt atctaagagt1140
tgtaccacct atataaacat cctttgaaga agaaactaag aagcatttgc aaatttctct1200
tctggatatt ttgtttattt ttctgaagt ccaaaaaatt atcattacag tgtaccatat1260
taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa tccccaaaaa gctggggaaa1320
acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcagt gggggaaaaa cagcattttt1380
tattctattg ataccaaagc atttctaata agagcttggt aaatttaaga ataaagttat1440
ttaaaatata aagagtatag tatattaact ggcattgtaa ttttgatgat acaaagattg1500

```

aaagatcata ggaaagcatt gcccttcac acagaagtat tcaactctga caaataaatal560  
 tgtcatcctg aattaaaaat gccttaataa aagtacatcc tcctgctaaa aa 1612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

agaagttccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg 60  
 tgttgagggg gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccgggac accatagact 120  
 atttgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggctg 180  
 agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcaccct gcggaaccgc aagggctttg 240  
 tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccttt ggagagaatg 300  
 aagtgtacaa gcaggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt 360  
 tccagaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg 420  
 acacctgggg gctggtgccc tactccaagc ccataccac tgttggtggg gagcccatca 480  
 ccatcccaa gctggagcac ccaaccacgc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca 540  
 tggaggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccaa gtctggcctc ccggagactg 600  
 aggtcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggccaatt ccctggagga accagctgca 660  
 aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgtcatgggt gtctgtgggt tatttaaaag 720  
 aaattataac aattttgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt 780  
 cagtatttca agttctttca ctccagctt gccctgttct aggtggtggc taaatctggg 840  
 cctaactctg gtggtcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgc aaaggaaact 900  
 cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt 960  
 tttgccccca gggatgagag gcgaaagcca ctctcatac aagccccttt attgccacta1020  
 ccccacgctc gtctagtctt gaaactgcag gaccagtttc tctgccaaag ggaggagttg1080  
 gagagcacag ttgccccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagtttg1140  
 atctcccttc tgccaccctt acctcaccct tagtcactca tatcgagacc tggactggcc1200  
 tccaggatga ggatgggggt ggcaatgaca gcctgcaggg gaaagagctt tcgcccgtgg1260  
 acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gtta 1304

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gcgaggagct ggcacgcagc cagggccttt gctcaagaag ccataccagc caagaattaa 60
aatctctaaa acatcagtggt atggtgatcc ccactttggt gtggatttcc ccctgagcag 120
actcacctgt tgcttcaaca ttgatgggca gcccggggac atcctcaggc tgggtctctga 180
tcacagggac tctggtgtca cagtgaacgg agagttaatt ggggcacccg cccctccaaa 240
tggccacaag aaacagcgca cttacttgcg cactatcacc atcctcatca acaagccaga 300
gagatcttat ctcgagatca caccgagcag agtcatcttg gatggtgggg acagactggt 360
gctccctctg aaccagagtg tgggtgggtgg gagctggggg ctggagggtg ccgtgtctgc 420
caacgccaat gtcaccgtca ccatccaggg ctccatagcc ttgtcatcc tcatccacct 480
ctacaaaaag ccggcgccct tccagcgaca ccacctgggt ttctacattg ccaacagcga 540
gggcctttcc agcaactgcc acggactgct gggtcagttc ctgaatcagg atgccagact 600
cacagaagac cctgcagggc ccagccagaa cctcactcac cctctgctcc ttcaggtggg 660
agaggggcct gaggccgtcc taacagtga aggccacca gtcccagtg tctggaagca 720
aaggaagatt tacaacgggg aagagcagat agactgctgg ttgcccagga acaatgccgc 780
caaactgatt gacggggagt acaaggatta cctggcatcc catccatttg acacagggat 840
gacacttggc cagggaatgt ccaggagct ctgaagctgg cagccttaaa gatgcaagt 900
catgaaggac agtgatgtgg ggaggccgtg gggcagctct ttcatggct tgtacacgcc 960
tcagctcctg gcaattagct ggactccatg acccaccct ggtgcagcat agatccgacg 1020
tctgtctggg cgaagggtag ggggtgggtag gggcggaag cctgagtga aatgtcatt 1080
ccctctactg cctcttctg cctctcccca cctgcccac atccacagag gggagagaag 1140
ggtcatagct aaatgcaaca aagtctgtat cttgtcccaa cctgcttttc tgttctgtta 1200
gcatatcata aagtaagcct ttctggtgaa ggaaggttgc tatgaaactt ttttcttgg 1260
tggaaatggc caagtttagg cactctgctt ttgacctac actaatgctt agaaagctgt 1320
cttttcagtg gtgttgacgc ccccagatgt gtggccaacc tctgctgcaa aggaatctct 1380
tgctgagtc aggccacca tcaggcaaat agccataca ttgatcggt gtaaaccatg 1440
aagtcttttc ttgcaagacg tttttcttct gctgtggtat cttgccctta aaaattagtt 1500
ttcattaaaa agaaatttga ttgaaaataa aaa
1533

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt 60
atattgttct gtgatggagg acactggaga gaggttgctat tccagtcagt catgtcgagt 120
cactggactc tgaaaatcct attggttcct ttattttatt tgagtttaga gttcccttct 180
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg gggtatcact tttcctccag ggtagatca 240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc 300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc 360
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc 420
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgccct gatagtagca tgtttctgtt 480
tctgatgtac cttttttctc ttcttctttg catcagccaa tccccagaat tccccaggc 540
aatttgtaga ggacctttt gggttcctat atgagccatg tctcaaagc ttttaaacct 600
ccttgctctc ctacaatatt cagtacatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag 660
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa 720
agttttcaaa ttgtactaat aggcctgggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt 780
aagctgcttt ctatgctctt cccagtgagg catggagggt tttctgaatt ttgtctacct 840
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggtc aaaaaatgat ggccccctga gctcttttga 900
agaaaggtag atgaaatata ggatgtaata tgaaaaaaag ataaaatgtg acttccccctg 960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctttct tgggtcctca tgccacccca1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgtttgaca aagaggtacc1080
aggcaaaact cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aatttcaaag gaaatggacc1140
ctgcttttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcatcgatgt ctgtactgta aatttctaatt1200
ttatcactgt acaaaagaaaaa ccccttgcta tttaattttg tattaagga aaataaagt1260
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa

```

1304

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
gtccctggcg ccctgccttt agccgtgggg cccccacctc caccctctgg gtttcttagg 60
aatgtccagc ctccggagacc ttcacaaagc cttggggaggg tgatgagtgc tggctctgac 120
aagaggccgc tggggacact gtgctgtttt gtttcgtttc tgtgatctcc cggcacggtt 180
ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctcctagt 240
tgctgaaagt taaggaatgt gtaaaacctc cacgtgactg tttggtgcat cttgacctgg 300
gaagacgcct catgggaacg aacttggaac ggtgttggtg tgaggcctct tctgcaggaa 360
gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tgggtccacac cctggctctc ctgcaggctc 420
acacaccttc caggcctgtg gcctgcctcc aaagatgtgc aagggcaggc tggctgcacg 480
gggagaggga agtattttgc cgaaatatga gaactggggc ctctgctcc caggagctc 540
caggggccct ctctcctccc acctggactt ggggggaact gagaaacact ttcctggagc 600
tgctggcttt tgcacttttt tgatggcaga agtgtgacct gagagtccca ccttctcttc 660
aggaacgtag atgtcggggg gtcttgccct ggggggcttg gaacctctga aggtggggag 720
cggaacacct ggcacacctc ccagcactt gcattaccgt cctgctctt ccaggtggg 780
gacagtggcc caagcaaggc ctcaactcga gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
tcttgagca tctgccttgt gcctggcact ctgccgggtg cttgggaagg tcggaagagt 900
ggactttgtc ctggccttcc ctcatggcg tctatgacac ttttggtgtg atggaaagca 960
tggaacctgt cgtctcagcc tgttggtttc tctcattgct ctcaaaccct ggggtaggtg 1020
ggacgggggg tctcgtgccc agatgaaacc atttggaac tcggcagcag agtttgtcca 1080
aatgacctt ttcaggatgt ctcaaagctt gtgcccagg tcacttttct ttctgcctt 1140
ctgctgtgag ccctgagatc ctctcccag ctcaaggagc aggtcctggg tgagggtggg 1200
agatttagac acctgaaact gggcgtggag agaagagccg ttgctgtttg tttttggg 1260
agagctttta aagaatgcat gtttttttcc tgggtggaat tgagtaggaa ctgaggctgt 1320
gcttcaggta tggtaacaatc aagtggggga ttttcatgct gaaccattca agcctcccc 1380
gcccgttgca ccacttttg ctggcgtctg ctggagagga tgtctctgtc cgcattccc 1440
tgcagctcca ggctcgcgca gttttctctc tctccctgga tgttgagtct catcagaata 1500
tgtgggtagg ggggtggact gcacgggtgc atgattgtgc ttaacttggg tgtatttttc 1560
gatttgacat ggaaggcctg ttgctttgct cttgagaata gtttctctg tccccctc 1620
aggcctcatt ctttgaacat caactctgaa gtttgataca gataggggct tgatagctgt 1680
ggtccccctc cccctctgac tacctaaaat caatacctaa atacagaagc cttggtctaa 1740
cacgggactt ttagtttgcg aagggcctag ataggagag aggtaacatg aatctggaca 1800
gggagggaga tactatagaa aggagaacac tgccactttt gcaagccagt gacctgcct 1860
ttgaggggac attggacggg ggcggggggc ggggggtggg tttgagctac agtcatgaac 1920
ttttggcgtc tactgattcc tccaaactct caccaccaca aataacgggg accaatat 1980
ttaactttgc ctatttgtt ttgggtgagt tccccctc cttattctgt cctgagacca 2040
cgggcaaaag tcttcatttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaccaca ccaatgat 2100
```

```

ttttctttgt aatacttgaa atttattttt ttattatttt gatagcagat gtgctatttta2160
tttattttaat atgtataagg agcctaaaca atagaaagct gtagagattg gggttcatttg2220
ttaattgggtt tgggagcctc ctatgtgtga cttatgactt ctctgtgttc tgtgtatttg2280
tctgaattaa tgacctggga tataaagcta tgctagcttt caaacaggag atgccttttca2340
gaaatttgta tattttgcag ttgccagacc aataaaatac ctggttgaaa tacaaaaaaa2400
aaa

```

2403

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

cagagtgaaa ccttgtgcct ggtgacccaa gtccctccaa agtgcctctc cttctggggt 60
attcaagcca aatatctggg ttccccctc tctcattcc ctagcaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccattcccctt ctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcgggtgat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctgggggtcag ctttcacggt 300
cgcttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccacctgc atgcatggcc agcccccca 360
ctccagcctg agccatgtgt gcccctgagg gaggacccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga aggttcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggccc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
attttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaattatatt tactgttgtt 720
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgtgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcattg acatgcagc 840
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 900
agggaaagagg gcagaggagg gtcattgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg 1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacgggtg 1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgtttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg 1140
aaaggccttt gacctatgtc atctgagcgt ctctccagt agctctgaaa gctgtggaca 1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1260

```

```

ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggcag cctcctggal320
caagtgtgat cccctataaa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaaggg1440
ggtgagtgat atcaaatacta gtctcactcc cactttttag tctcactcct acttttgte1500
accacccctg cctcctggat cttctcccaac ttttttttcc agcttttagga cctggggag1560
tctgttgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggtcct ccaagagg1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac ccaggtcca ggccctggaa tctgagact1680
cgcgtttcct tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgt1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttcttt agggaaactg ggagtcgggg ttggagg1800
tgggcaatgg aacttcaaata tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgagg1860
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgataccag gtgagaagt gttcaccag1920
aggggcaggg tgggggcctc gggcagatct gtccctcttg gccctctgt cctcaa1980
ccaaaatgtt ggaggacctc tgttcatatc ccacgcctgg gctcttgcca gcagtggag2040
tactgtagag ggatgtccca agcttgtttt ccaatcagt ttaagctgt tgaaactctc2100
ctgtgtctgt gttttgtttg tgcgtgtgtg tgagagcaca tcagtgtgtg caggctgtg2160
ttccccattt cctcctccc ttccagacca tcattgagaa caaatgtaag aaatcccttc2220
ccaccacct cctgcctcc caggccctct gcgggggaaa caagatcacc cagcatcctt2280
ccccacccca gctgtgtatt tatatagatg gaaatatact ttatattttg tatcatcg2340
cctatagccg ctgccaccgt gtataaatcc tgggtgtatg tccttatcct ggacatga2400
gtattgtaca ctgacgcgtc cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2517

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgccctc agaatacaga caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aatacccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgcctcag 180
tacaccatag agcggtatct cacccttagtc accagatcgc agcaggagac agggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat ttgggaaacc 300
tacgttcctt ccactttcct ggtgggtgtg tctgggtttt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcctctg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420

```

```

taatatcatc aacagctcca tctccagett taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaaccccag 600
taatgtttgat cactattcca aactactggt tcccttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgtttaa tttcttgcat gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaaatgta 960
ctcagggctg tttattcggg ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaal1020
ggagaccatt gggtaaccct caagtgtcag aagttgtttc taaagtaact atacatgttt1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaaat acattgtttg ctattttaggg agtaacatttt1140
tctagttttt gtttctggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tgggaagtcaal1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaacal1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaataataa gtgaagaaaal1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattccccat1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc ctttttccca tgcattgatg gaaatggaag1500
atTTTTTTTT aactgtttct agaagtctta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgcagal1560
attgagtccta ttttctagct gcctttatcc acatagtgat ggggtactaa aagtactggg1620
ttgactcaga gagtcgctgt ccagtctgtc attgctgcta ctctaaca 1668

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggaac ggcgcagact tttgccatgg gcttcatgac 60
gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgctcctc attgcaatga tcatcactgc 120
ggtggtatcc atttcagtca ccattcttctg ctttcagacc aaggtggact tcacctcgtg 180
cacaggcttc ttctgtgtcc tgggaattgt gctcctggtg actgggattg tcactagcat 240
tgtgctctac ttccaatcag tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tgggggccat 300

```



```

ttgtttcacc ctgttctctgg cttacgacac acagctgggc ctggggaacc ggaagcacac 360
catcagcccc gaggactaca tcaactggcg cctgcagatt tacacagaca tcactctacat 420
cttcaccttt gtgctgcagc tgatggggga tcgcaattaa ggagcaagcc cccattttca 480
cccgatcctg ggctctccct tccaagctag agggctgggc cctatgactg tggctctgggc 540
tttaggcccc ttctctctcc cttgagtaac atgcccagtt tcctttctgt cctggagaca 600
gggtggcctct ctggctatgg atgtgtgggt acttggtggg gacggaggag ctagggacta 660
actgttgctc ttgggtgggt tggcagggac taggctgaag atgtgtcttc tccccgccac 720
ctactgtatg acaccacatt ctctctaaca gctggggttg tgaggaatat gaaaagagcc 780
tattcgatag ctagaaggga atatgaaagg tagaagtgac ttcaaggtea cgaggttccc 840
ctcccacctc tgtcacaggc ttcttgacta cgtagtggga gctatttctt ccccagcaa 900
agccagagag ctttgtcccc ggctctctgg acacatagga cattatcctg tattcctttg 960
gcttggcctc ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gcccattggg ctctctgctt 1020
caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct gggttaggga tgggggacag 1080
ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccctgggct 1140
tgctcctggc ttgtgacgct ataagacaga gcaggocaca tgtggccatc tgctcccat 1200
tcttgaaagc tgctggggcc tccttgagg cttctggatc tctggtcaga gtgaactctt 1260
gcttctctgt ttcaggcagc tcagagcaga aagtaagggg cagagtcata cgtgtggcca 1320
ggaagttagc aggggtgaaga gagactcggg gcgggcaggg agaatgcctg ggggtccctc 1380
acctggctag ggagataccg aagcctaact tgggtactga gacttctggg ttcttctctt 1440
ctgctaacc caggagggtc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgtttgt ctttaagtgc 1500
actgggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccactgcctt ctttgaata 1560
ttaagtgcct tgagctggaa tggggaagg ggacaagggt cagtctgtcg ggtgggggca 1620
gaaatcaaat cagcccaagg atatagttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
atatcacaca aagggatata actataaatg taataaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
aaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtgtt

```

1768

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3479 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg ctctctcaat cggaacacg agtgggaggc 60
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctcctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120

```

agaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgetgcttct ggaattccct accacagcga 180  
ggccccgtgt agtttgaaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa 240  
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtag ctcttccaag ccaaagacaa 300  
agagaagcgg ttcagccctt ttggcaaaaa gaaatgaact ccttcccttc acctcctgcc 360  
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420  
tcttgccgct tcctatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tctttgggcg 480  
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtggg 540  
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctctgg gcacacaggt 600  
gaggcagctg caggaggatg cagcccgccct ccaggcgccc tatgcggtg acaaggccga 660  
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagcctgg aagtcctctc tggacgctg 720  
tgagagccgc aggtgcggc tgggtggacac aggggacaag ttccgcttct tcagcatggt 780  
gcgcgacctc atgctctgga tggaggatgt catccggcag atcaggccc aggagaagcc 840  
aagggatgta tcatctgttg aactcttaat gaataatcat caaggcatca aagctgaaat 900  
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaaatccc tgttggcgag 960  
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa1020  
agaaatgata gacaagtggg aagaccgatg ggaatgggta agactgattc tggaggtccal1080  
tcagttctca agagacgcca gtgtggccga ggctggctg cttggacagg agcgtacctl1140  
atccagccga gagataggcc agagcgtgga cgaggtggag aagctcatca agcgcacag1200  
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga tgagaggttc tctgccctgg aaaggctgac1260  
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcgcc1320  
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc agaggaagcc gagtcccagc agcagtggga1380  
tacttcaaaa ggagaacaag tttcccaaaa cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg1440  
gatggcagaa acggtggaca caagcgaat ggtcaacggc gctacagaac aaaggacag1500  
ctctaaagag tccagcccca tccccctccc cagctctgat cgtaaagcca agactgccct1560  
cccagcccag agtgccgcca ccttaccagc cagaaccag gagacacctt cggcccagat1620  
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggccac aataagaaag cctcaagcag1680  
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa atgggtttct acaaagatgc1740  
aaagactgct gcttctggaa ttcctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc1800  
tgtctgcgaa gtggcccttg attacaaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaaa1860  
tgatggcaat gagtacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca1920  
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgaggtg tctgccagca cccagagcac1980  
gccagcatcc agccgcgcgc agacctccc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc2040  
cagtcccggc aagcgggaaa aggacaaaga gaaagacaaa gagaagcggc tcagcctttt2100  
tggcaaaaag aaatgaactc ctttccctca cctctgccc ttctcttacc ttttcagtga2160  
aattccagca tgcaagctca gaaccaacac attactctct gtgcctaag ttccctcaatg2220  
tgggtgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttcg ggggggggtg gggaaacaca2280  
cctaaacact ttatctccaa gttacaaaag tttgaggtgc agaggggaagg ccagattttt2340  
tttttaatga aattatatag attagatctc agtattttaa ctgttctca attttgtgag2400  
gctgtgttgg aaataacccg cctctagtgc tgttggtatg caaggcagcg gtgcttaatc2460  
aatatttctt gtgctcacca gaggcaaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc2520  
atttacttct ggtggttacc ctgactcttg actcttagaa gtgcccagga tggggctaac2580  
ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa2640  
ctctacagac caaaccattt gtatctggca tcacttacta acacacgaca tgcggctttt2700  
ctgcatcaac tgctatgacg gtttaagaatg tcagtataca agaaggaata gaaaactgat2760  
actgttttaa ataactgtga atttcaattt ttttttttt gctgaaatac attatatgt2820  
acgtttgaga taattctagt acaaagtata ataaaactag atgtataata aaccttttaa2880  
atcattggta agtggtacaag tgggtggaact gaagcattta ctggacaaag taatgttact2940  
ctaattggta cttgctcgtg cgttgccaca ctgtgttata atttgcttca tttccttgct3000  
atttgataca tagtgtgcat ttctctgtca ctgtaactat tgtaatgaca aattttcatc3060  
ttactgcaca atcaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggctggg cctgaacagg3120  
gaggtggtcg ctcaggcctg gtgctcagtc gtacgacctg tacctctcaa cttttgccct3180  
atctgttaaa tatatgctat gtcattaaat gcttttaaat ctaaaaaaa aaaaagtgt3240  
tgttcttctt ctgctgcgtg tgcattgcca gtagggaaac tgcaaagggg agaaatgaca3300  
aacaagaaac attttacaac cagtctgggc tcacttttgc attttttatg catgtctggt3360  
gcacaagctt tgaaaactac agcaaacagt aataaatgtg actgttttgt agttataaga3420  
gagaaaaaaa agaaaaaaga ggaaaaaana agaaagagga ggagagaac 3479

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

gctcctccct tccttctttt tacatttttag tcttagcatt tactttcccc accccacatt 60
cttgaacag cctttagttc tacaggaaat ggcactgatg gacagaagac tagcattacc 120
ttcatgaaag ggctgttaga gctgcctggg aagaaggcgt gccttgggga actgggaaga 180
tgccgtcagt gtgggtgggc aggaggacag ccagtcgtcc tgctgccagc ccaatagctt 240
ccagcggcag gtgcccaggt gctaccggag cccctcatag gggtaggggc agggactgca 300
cctcctccag gcactcatcg taagcctcct ggtactcctc atggggcttg accattatca 360
cacaggtggg gcgcttggga cctgcggctg caccaggtc cgttcagagg ggaaagaagt 420
gctgtttgga aaaaagctgt acaacctgta tgccaggaag tcaccaactg atgaccacc 480
agcctaactc ggcccacaac catgttctgt tcggtccatg ttctatttaa aagcatcttg 540
aattggttgc catcatttaa actcaatcag actttgaagg catggtccag ccacacaggg 600
cctacattcc cacatggcaa ctatgaaagg gctccagccc agcaggggct gtcccggctc 660
ctgccacccc cacttctgtg gcctcagatc tggccctgtg tacgtaagat aaggacagct 720
acaggtccct ctgagcctaa acccacctaa ccggactaac atgggtgaag atcttagctt 780
acaaagctct ttcacatata tctatctctt tattctcata gtccacagat aactgactat 840
ttggttctta ccatcaggcc aaacggtaag ttccttcaga acagggcctc ctgctttatc 900
ccaagaagtg ataatgtagg tacccaagat cca

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
gacttttaaaa aaattttttac agttatttttt attttgtaga atgagctgaa agccagtgggt 50
ggcgaaatca aaattcataa aatggagcaa aaggagaatg tgccccccagg tectgaggtc 120
tgcattcacc atcaggaagg ggaaaagatt tctgcaaag agaatagcct ggcagtcctg 180
tccaccctcg ccgaagatga ctcccgtgac tcccaggta agagtgggt tcaacagcct 240
gtccatccca agccactaag tccagattcc agagcctcca gtctttctga aagtctctct 300
cccaaagcaa tgaagaagtt tcaggcacct gcaagagaga cctgcgtgga atgtcagaag 360
acagtctatc caatggagcg tctcttgcc aaccagcagg tgtttcacat cagctgcttc 420
cgttgctcct attgcaacaa caaactcagt ctaggaaacat atgcatcttt acatggaaga 480
atctattgta agcctcactt caatcaactc tttaaatcta agggcaacta tgatgaaggc 540
tttgggcaca gaccacacaa ggatctatgg gcaagcaaaa atgaaaacga agagattttg 600
gagagaccag cccagcttgc aaatgcaagg gagaccctc acagcccagg ggtagaagat 660
gccctatttg ctaagggggg tgtcctggct gcaagtatgg aagccaaggc ctctctcag 720
caggagaagg aagacaagcc agctgaaacc aagaagctga ggatcgctg gccaccccc 780
actgaacttg gaagttcagg aagtgccttg gaggaaggga tcaaaatgtc aaagcccaaa 840
tggcctctcg aagacgaaat cagcaagccc gaagttcctg aggatgtcga tctagatctg 900
aagaagctaa gacgatcttc ttcactgaag gaaagaagcc gccattcac tgtagcagct 960
tcatttcaaa gcacctctgt caagagccca aaaactgtgt cccacctat caggaaaggc 1020
tggagcatgt cagagcagag tgaagagtct gtgggtggaa gagttgcaga aaggaacaal 1080
gtggaatag ccaaggcttc taagaagaat gggaaatgtg gaaaaacaac ctggcaaac 1140
aaagaatcta aaggagagac agggaagaga agtaagggaag gtcatagttt ggagatggag 1200
aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag ctctctcaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggtcga gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcaactactc gaatcagaaa tcccaggatg tggaactctg ggaggagaal 1380
gtgtgcaaa agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcgggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtgtagcgl 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaal 1560
tttacttggg agtaactttg gaaaagaatt ccttcttaaa atcaaaaaca aaacaaaaal 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc attttagcag 1680
tgatgatatg cataagtgtc gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctatttttggg attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaacatt 1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgtat atttttaaat gaataccaat 1920
ttaatttttt agtattttacc tgtaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tctgtctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcggtgc ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgatctc 2160
gccagtgaat ttactgtact ccaaagtatt gctttctttt ctgggtgatc ctgtgcttct 2220
cataattact gaaagctgca atattttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctct 2280
ccgtgttaga gcaaagtgaag gagtttaaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
```

```

ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccctttt gagacactaa2400
tttttaaata cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcagggtga2460
aattaaacca actataggcc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac2520
attataaact tgagtacatt tgtgtacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag2580
ggagaggtgt cttaaagctgt aggcctttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt2700
tattcaataa agattttaat taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg2760
aaaaaaaaa gggcgggcgc cgc

```

2783

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcggga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctcttttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccagggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaaagta ggttcacga gtcggctcac 180
acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcacccccag tcgcagacgc caaagcccag 240
gatagaggtg tcgaggggaga actgggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggagggc 300
ttggatagaa atgaggaggg cttggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag 360
ggcttggata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgtac 420
tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acggttggca aggttgcagg tcgtgtgtgt 480
caggccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagttca ccagaaaact 540
gtcttgggccc cagacactgc ggacctgcca cagcagaggc agctgttgcc ccgccggatg 600
ctggcctccc cttgccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga 660
gctgcctgaa gagccttctg tccagcccc ccaaggacag taagccaaat atctctgcac 720
accacatctc cctggcctcc tgccctggcac tgaccacccc cagtgaagag ttgccggacc 780
gggcaggcat cctggtggaa gatgccacct gtgtcacctg catgtcagac agcagccaaa 840
gtgtcccttt ggtggcttct ccaggacact gctcagattc tttcagcact tcagggcttg 900
aagactcttg cacagagacc agctcgagcc ccagggacaa ggccatcacc ccgccactgc 960
cagaaagtac tgtgcccttc agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttggggg 1020
ctgagggatg atggaccatg gatgcggaag cagatcatte aggaggttct gacaggaaca 1080
gcatggattc cgtggatagc tgttgcagtc tcaagaagac tgagagcttc caaatgccc 1140

```

```

aggcaggctc caaccctaag aaggtegacc tcatcatctg ggagatcgag gtgccaaagc1200
acttagtcgg tcggctaatt ggcaagcagg ggcgctatgt gagttttctg aagcaaacat1260
ctgggtgccc gatctacatt tcaaccctgc cttacacca gagcgccag atctgccacal320
tagaaggctc tcaacatcat gtagacaaag cgctgaactt gattgggaag aagttcaaag1380
agctgaacct caccaatata tacgctcccc cattgccttc actggcactg ccttctctgc1440
cgatgacatc ctggtcatg ctgctgatg gcatcaccgt ggaggtcatt gtggtcaacc1500
aggtcaatgc cgggcacctg ttctgtcagc agcacacaca ccctaccttc cagcgctgc1560
gcagcctcga ccagcagatg tacctctgtt actctcagcc tggaatcccc acctgccc1620
ccccagtgg aataacgggc atctgtgccc cccctggtgc ggacggggcc tgggtggcag1680
cccaagtgg tgcctcctac gaggagacca acgaagtgg gattcgatac gtggactacg1740
gcggatataa gaggtgaaa gtagacgtgc tccggcaaat caggctctgac tttgtcaccc1800
tgccgtttca gggagcagaa gtccttcttg acagtgtgat gcccctgtca gacgatgacc1860
agttttcacc ggaagcagat gccgccatga gcgagatgac ggggaatata gactgcttg1920
ctcaggtgac caagtacagt ccaactgggc ttctctgat tcagctgtgg agtgtggtt1980
gagatgaaat ggtgttgata aaccggcccc tgggtggagc aggccttgcc cagtgggtag2040
acagctacta cacaagcctt tgacccccat gctgcttctt gagagtcttt tttgcaactg2100
ttgaaattgg gcttggcact caagtcaaag atgaacatcg gaataacaaa cattgtcttc2160
tccagaaaat cctttctttc tccatactgt agtcctattg agaagacatt tcgtctctga2220
gaaaaaagga tggaaactat ggttctcttc gcaaaagcaa aggatagtgt ttaacaagcc2280
agctggctta tcttggttct cagctgtttc aaccagattg tctattcccc cctgttccat2340
tcccccttc tcttctctat ctcttcccc ggcaaaaacc aaacaaactg gcagacaggc2400
cagggatgta tgttgcttgc ttgagagggt ttcttttact tcaaaatctt tcttcaggga2460
gcaagacatg aactgactaa ttggtatcca ctacttgtag agcttacata aatgagttga2520
tgatatttaa ccagttttta taaacttcac ttaggtctct aaacacagac tttttaaat2580
gcaactgtaa atatgaaatg gtcacacat ctgacctgg tcagtgggga ggggaactgg2640
tactctgcca agcctgggtg taatttgtaa ccattttcta tttgtgcaaa ctctgtaaat2700
atgtgtttta acaaatgtaa tattttgtac aagatacact ggagaacaaa ggggaactcaa2760
gattcttcca gccacatgtc acctgtaggt agaagtaaac tctgcagtgc agcttctgct2820
cttggccct ctggccaggg cccctgtggc ttctgcaca ctggacaggt gactgtatgg2880
tagagactgt gatctgggaa ctttttgctg tacaaatctg tttaaaaaaa agagtgtatg2940
atatttaacc agtttttata aacttcattt aggtctctaa acacagactt tttaaaattg3000
caactgtaaa tatgaaatgg tcatcacatc tgaccttggc cagtggggag ggggaactgg3060
actctgcaa gccctggttg aatttgtaac cattttctat ttgtgcaaac tctgtaataa3120
tgtgttttaa caaatgtaat atttgtaca agatacactg gagaacaaag ggaactcaag3180
attcttccag ccacatgtca cctgtaggta gaagtaaac ctgcagtgc gcttctgctc3240
ttggcccttc tggccagggc cctgtggct tctgcacac tggacaggtg actgtatgg3300
agagactgtg atctgggaac tttttgctgt acaaaaagta actcattgaa ttaacttgca3360
gtggtgtgtt tgattctttt ttagactggc ttcagcattg tgcagtttaa a 3411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```
gaagaagaga aaaaagaggt gatgcttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgat 60
gagaaacaga agaaaaatat taaacaacgt ttcatgttta acattgcaga tgggtggttt 120
actgagttgc actccctttg gcagaatgaa gagcgggcag ccacagttac caagaagact 180
tatgagatct ggcatcgacg gcatgactac tggctgctag ccggcattat aaaccatggc 240
tatgcccggt ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccacccctcaa tgagcctttc 300
aagggtgaaa tgaaccgtgg caatttctta gagatcaaga ataaatttct agctcgaagg 360
tttaagctct tagaacaagc tctggtgatt gaggaacagc tgcgcggggc tgcttacttg 420
aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgctt tgctgaggtg 480
gagtgtttgg cggaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
gccaatgcag tctgcacaa agttctgaaa cagctggaag aactgctgag tgacatgaaa 600
gctgatgtga ctcgactccc agctaccatt gcccgaaatc cccagttgc tgtgaggtta 660
cagatgtcag agcgtaacat tctcagccgc ctggcaaacg gggcaccgga acctaccca 720
cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac cacctccacc gctgagcagt 780
gaccttcttc actttctctt gtcccagctt ctcccctggg ggectgagag accctcacct 840
tcctttctgc catcttccat gttgtaaagg aacagcccca gtgactggg ggaggggagg 900
gagtgagggg cagtgggtgc cttcctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggcgcca 960
tctgcaggag ctggcgggct ggccttctgg accctggctt ctcccactg taacgcctgt 1020
tacacacaaa ctgttggtgg ttcttgccag gcttgaagaa aatgatctga atttttcct 1080
ccttttggtt ttattttggt ggtttatttt gtgttttctt ttctcctttt tggggggtat 1140
tcagagttgg ctggggccct gggcgagaca cagctacctc tgttggtatc tttttaatac 1200
caggaaacca gcggtcttag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtgga aaaaaaaaaa 1260
aaggaaaaaa ccaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgatgaaaa ttgaaaaata 1320
aagtttcttt gtatttttaa aagggaaaaa gaaggaaaaa aaggagaggg aaaaaggagg 1380
gggggagagg agt 1393
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1236 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
gtggggccacc cctaatacact attgcttccct aaagggtatatt tcaccctctt cgccctggtac 60
agccctcaca gctcttcaga gcaagcactg gactacaagg gcatggctca caaaagggtta 120
atggatgggg gttacctagc cctggctaata tccccctcca tccccaaactc tctctctctt 180
tttgaagaaa aatgctaagg gcagccctgc ctgccctccc catccccgc tgtaaatata 240
cactatTTTT gatagcacac atggggcccc catatctctt ggcccttggtt ttgatgttga 300
aatcctggcc ttgggagaga tgccttccag gcagacacag ctgtctgggt caggccaagc 360
ccctttgcaa tgcaagccct ttctggtgtt atgaagtccc tctatgtcgt cgttttcacc 420
agcaactggt gactgtccct tcgacacgga cctgctttga gatttcctga caggaaaaag 480
atctctgtcc atttttttcc tgtgcctaac agcataattg ccttttcccta tgtaaatatt 540
atgatggtgg atcaagacat aagtaaatga gcctttctgc ctacacatcag ccctgtgtat 600
aaagccatta ttctctgatg cactgtttgc cccagtaact cactttaaaa cctctctttc 660
cagtgttccc tctctccctc cagggccact gcttgaagaa gaatatgtat gtttctatct 720
tgtatgtctg tgtgccccctc ctgccccgaa agtgctgact atggggaaat cttttagctg 780
ctgttttttag actccaagga gtggaaatta tgtggaagaa gcaaacctga tacaatttgc 840
ccaaggtaaa cagtttgaaa agacaaatgg gcctgccaaa ctgtacagtt tcttcccaaa 900
gagctgttag gtatcaaaat gttgtccttt cccccctccg tgcttttctg gttgagatca 960
tgtcattgat gaactgccaa agtcagggga ggagggcaga gactttgtgt ttacatctgc 1020
atttctacat gtttttagaca gagacaattt aaggcctgca ctcttatttc actaaagaaa 1080
aactaatgtc agcacatgtt gctaattgaca gtggatTTTT ttttaaataa aaaagtttac 1140
agatcaaatg tgaaataaat atgaatggag tggctctctt gtctgttatc tgagttttca 1200
aaagctttaa gactctggga acatctgatt ttatgg 1236
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagcttcta 60
ttatagccac atccctttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacaggt ggcaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgatacccag 180
agcattacgt gagccaggtg atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaagtg tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggaact 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagaggc 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaactcaggc tgaggtgtct taagcctttt gtcacaaaaa cctggcacia tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaagttt ggcgggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaaggtc actagatgg 749

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgacccccca taggcctgag gcttgtgcag gcagtgggag tggggtaagg ctctctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaaa cctgatggcc ctcatatagc ctgggctctt atcttggaa 120
cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgcacaggg cggagtctcc cctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaattc ttctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tggagactat 300
gatgccaaacc tggaaagcagc tgccccctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
ctgcccttct tcatacctcac cagtgtcctg ggtatcctag cttagcagcac tgcctcttc 420
atgcttttca gacctctctt ccgttgccag ctctgccctg gctggcctgt cctggcacag 480
ctggctgtgg gcagtgcctt cttcagcatt gtggtgcccg tcttgcccc agggctaggt 540
agcactcgca gctctgccct gtgtagcctg ggctactgtg tctggtatgg cttagccttt 600
gccaggcctt tgctgctagg gtgccatgcc tcctggggcc acagactggg tgcaggccag 660

```

```

gtcccaggcc tcacctggg gctcactgtg ggaatttggg gagtggctgc cctactgaca 720
ctgcctgtca ccttggccag tgggtgttct ggtggactct gcacctgat atacagcacg 780
gagctgaagg ctttgcaggc cacacacact gtagcctgtc ttgccatctt tgtcttggg 840
ccattgggtt tgtttggagc caaggggctg aagaaggcat tgggtatggg gccaggcccc 900
tggatgaata tcctgtgggc ctggtttatt ttctgggtggc ctcatggggg ggttctagga 960
ctggatttcc tggtaggtc caagctgttg ctgttgtaa catgtctggc ccagcaggct 1020
ctggacctgc tgcgaacct ggcagaagcc ctggcaattt tgcactgtgt ggctacggcc 1080
ctgctcctcg cctattctg ccaccaggcc acccgcccc tcttgcctc tctgccccct 1140
cctgaaggat ggtcttctca tctggacacc cttggaagca aatcctagtt ctcttccac 1200
ctgtcaacct gaattaaagt ctacactgcc tttgtgaaaa aaaaaaaaaa a 1251

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ctggcctcag caccttcag aactggttac ctagtacctc cgccacctcc tggggtggac 60
tcaccagttc caggaccaca gacaatggtg gggagcagac tgccctgagc cccaagagg 120
ccccgttctc tggcatctcc acgcccccg atgtgctcag ttagggcccg gagcctgct 180
gggaagccgc agccactacc aagggccttg cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg 240
ccgccccagg cagggaggac acggggcttt tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc 300
cacgcttggc aatgctgcag aatgagttgg aggggctggg ggacatcttc caccatga 360
atgcggagga gcaagctcag ctggctgcct ccagccccg gccaaagggt ctgtcgggcg 420
aacaggggag ctacttcgtt cgtttagggt acctgggtcc cagcttccgc cagcgggcat 480
ttgaacacgc ggtgagccac ctgcagcacg gccagttcca agccaggggac actctggccc 540
agctccagga ctgcttcagg ctgattgaaa aggccagca ggctccagaa gggcagccac 600
gtctggacca gggctcagg gccaagtgcg aggacgtgc tgtccaggag gagcgggatg 660
ccgggggttct gtccagggtc tgcggccttc tccggcagct gcacacggcc tacagtggcc 720
tggctctcag cctccagggc ctgcccgcg agctccagca gccagtgggg cgggcgcggc 780
acagcctctg tgagctctat ggcatcgtgg cctcagctgg ctctgtagag gagctgccg 840
cagagcggct ggtgcagagc cgcgaggggt tgcaccaggc ttggcagggg ttagagcagc 900
tgctggaggg cctacagcac aatccccgc tcagctggct ggtagggccc ttcgccttgc 960

```

```

ccgctggcgg gcagtagctg taggagcctg caggcccggc gcgggggtcg cctgctctgt1020
ccagggagga gctgcctcag aactttctcc ccgcccccaa acctggatcg gttccctaaa1080
gccctagacc ttgggggctg cagctggctg agcgccgagg ggctgcggag gcagtgacct1140
tcttaactga gccacccac gccctgctcc gggcctgect gcctctccca cctcctcccc1200
agcgtgcct gccctctcg gagcctggg tcactcagac caccagccaa gagccttccc1260
ttgaagtccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg cccagcctgg1320
aagggcctct gtttgccccg ctagcaaccc ttttatatct agcagggtc tccagtcct1380
gcagcacggg cccccagcta tcagcgggtc aggcagtgt gtggcatccc aggcctcggg1440
cagctccgtt ctcatgtga aagtgggtct ccggccttag cacacacacc ttgagggtct1500
taagaaccac attccctcat agtagaaagt actagaaaaa gcgacactgc catcatcatc1560
ccaaggcagg ctgctactgc ctttgctgac ccccggggtg gcctcacggg ggggacaaag1620
ctgccaggag ccacagcagc cacagctggg gctttgcacc agcctggctt gagactgagc1680
agtgtcagg ggggtggggg tgcaaaaaac aagcaaacag gctgctgctg cctccagctg1740
cccaccacag gcctgcccc ggcacctggg gctctgaggc cctggggag gctggggccc1800
gcagctgccc ctggagaaca cagacaaagg acttccccgc agggaaactgt gccctatggg1860
gggatcagac agggctggga acagccacag aggtcgcgtg cctatggcac agccttctc1920
ccgcccacac cccccctgg gtcctcaggc ccacccaagc gccgggctgc agaggaagcg1980
gggctgggga ggctgcaggc atcagagaca ctgggtgggtg cggaccggc cgccggggccc2040
cgtgctctca ggctagccca ggtcgtggag gctggcaggc tcaggctggg tgtgagactg2100
gccgtggctg cgtcagtc ccggtgggag agcgttccag cccggcctcc ccaggaagcc2160
atatccccac tcacccggta agagaacctt gtcgtccctt ttccatgctc tcctaggaca2220
cgagcccagg aaccccagac ccagggggag gaagggtgga ggggccccag gggtcaccat2280
gtgcaccagg ggccgtgagg ggccggggca ttcagctcag ctctgaaccg gggaagctgg2340
cacggcaagg actgcctcag gtgacgggcc gtgagagggg acgggtcagg agccttccca2400
agccttctcc tcagcccag acccatggcc atcggaggct aggatgccag acacagccat2460
ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cactccagc caaccaagca tggggccgca2520
gctcaggaag tcccttccc ccacaccaca gcctaattct tactgggacg gaggcaactc2580
ggctacgtg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc2640
acggggtgac ttgcttggga ccgtgccac gtgacagccc cttatgcaga ggaggaaaga2700
gaagccccga gtgggagggg aacctgtcca aagtcacacg gtgtgtgggt gacacagctg2760
gggtgagtcg aggtggccc ctgaggccca tgctccctga acgctggaga ccactgtcgg2820
ctagcagcgg ctctcagga aggcctggtc tccacctcc cagcctagcc tcgcggaacc2880
tcgtcctccc cacatcggac ctgctcacct gcctggacce tgggctgcca gatgcaggaa2940
gcacaaacc cccagcctc gtgggtgcgg ggcaggggcg aggcagcaca gcttagatgc3000
cctggtttgt cctcttgtc tcttgggaag agcttgcctc cgcccagctc tcttgccact3060
ggcctttcag ggttgggctg ggcccagagt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga3120
tggtcaacc cagtcacaaa cgggccaggt gacactgccg actgcacccc agctcaggcc3180
cccactgcac cagcaatgct agaaaaccaa gcccaataaaa gtgatttctt ttttcattaa3240
aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtag atgctggccg ggc 3283

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```
agaaaatagt ttcaagcaga ccatagccaa gatcaacttc aaagttttag attcagaaat 60
ggtggctggt gtgacggaca aatggtcccc gtggacctgg gccagctctg tgagggcttt 120
acctttccac ccgaaggaca tcatgggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa 180
ccaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcagggg gatgaatcac agaaaatgag 240
aggggactat ggcaagttaa aggcctcat caatagtcgg aaaagtagaa acaggaggaa 300
tcagttgccg gactcataat attttcttat gtgggtctta tgcttccatt aacaaatgct 360
ctgtcttcaa tgatcaaatt ttgagcaaaag aaacttgtgc tttaccaagg ggaattactg 420
aaaaaggtga ttactcctga agtgagtttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt 480
gtatgatagt gactagcact agacatgtca tggctctcat ggtgcatata aatatattta 540
acttaaccca gattttatatt atatctttat tcaccttttc ttcaaaatcg atatggtggc 600
tgcaaaaacta gaattgttgc atccctcaat tgaatgaggg ccatatccct gtggtattcc 660
tttctgtgct tggggcttta gaattctaatt tgcagtgat tttgtatatg aaaacaagtt 720
ccaaatccac agcttttacg tagtaaaagt cataaatgca tatgacagaa tggctatcaa 780
aagaaataga aaaggaagac ggcatttaaa gttgtataaa aacacgagtt attcataaag 840
agaaaatgat gagtttttat ggttccaatg aaatatgttg gggttttttt aagattgtaa 900
aaataatcag ttactggtat ctgtcactga ctttgttttc cttattcagg aagataaaaa 960
tcagtaacct accccatgaa gatatttggg gggagttata tcagtgaagc agtttggttt1020
atattcttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact ttttttgga gttatttaatt1080
ttattttaga ctcaaagaat ataactttgc actactcagt tattactgtt tgttctctta1140
ttccctagtc tgtgtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatttgaa gtatttagact1200
tctaaataag gggtgaaatc atcagaaaga aaaatcaaag tagaaactac taattttttal260
agaggaatatt ataacaaata tggctagttt tcaacttcag tactcaaatt caatgattct1320
tccttttatt aaaaccagtc tcagatatca tactgatttt taagtcaaca ctatatattt1380
tatgatcttt tcagtgatgat ggcaagggtgc ttgttatgtc tagaaagtaa gaaaacaatal1440
tgaggagaca ttctgtcttt caaaaggtaa tggtagatgc gttcactggt ctctaagtgt1500
aaaagtagta aattttgtga tgaataaaat aattatctcc taattgtatg ttagaataat1560
tttattagaa taatttcata ctgaaattat tttctccaaa taaaaattag atggaaaaat1620
gtgaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat attttaaaaa cactactttt gcttttttat1680
ttacctttta agacattttc atgcttccag gtaaaaacag atattgtacc atgtacctaa1740
tccaaatata atataaacat tttatttata gttataaatc tatgatgaag gtaattaaag1800
tagattatgg cttttttaag tattgcagtc taaaacttca aaaactaaaa tcattgtcaal1860
aattaatatg attattaatc agaatatcag aatatgattc actattttaa ctatgataaal1920
ttatgataat atatgaggag gcctcgctat agcaaaaaata gttaaaatgc tgacataacal1980
ccaaacttca ttttttaaaa aatctgttgt tccaaatgtg tataatttta aagtaatttc2040
taaagcagtt tattataatg gtttgccctgc ttaaaaggta taattaaact tcttttctct2100
tctacattga cacacagaaa tgtgtcaatg taaagccaaa accatcttct gtgtttatgg2160
ccaacttatt ctcaaagtta aaagtaaaat gttttcagag tcacagttcc ctttatttca2220
cataagccca aactgataga cagtaacggg tttagtatt atactatatt tgtgctattt2280
aattctttct attttcacia ttattaaatt gtgtacactt tcattacttt taaaaatgta2340
gaaattcttc atgaacataa ctctgctgaa tgtaaaagag aatttttttt caaaaatgct2400
gttaatgtat actactggtg gttgattggg tttattttat gtagcttgac aattcagtga2460
cttaatatct attccatttg tattgtacat aaaattttct agaaatacac ttttttccaa2520
agtgtaaagt tgtgaataga ttttagcatg atgaaactgt cataatgggt aatgttcaat2580
ctgtgtgaaga aaacaaacta aatgtagttg tcacactaaa atttaattgg atattgatga2640
aatcattggc ctggcaaaat aaaacatgtt gaattcccca aaaaaagaaa gggaggacgg2700
```

gaggggagaa ggaaggaagg

2720

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

gccggccgcc	ctttttaacc	cccttccctt	cctttttttc	tgttgctgaa	tgatatttta	60
ttagcttgat	aatttgggcc	tgcccttagc	attaataagc	ttcagcacta	gtcacaagac	120
tttcattcac	tggtggggaa	actttcttgt	tttaaaaaat	gcaattcaag	aaagggcatc	180
tatttcttgg	gggctgcggg	gacagcaggc	ttctcttcac	gggtgatggg	aatgggtgcg	240
tcagggccag	agacctgttt	ccttgggtcc	ttcacagtga	ggaccccatc	agatgacagg	300
gatgaagtaa	tggtgagagg	gtctacatca	gctgggatcc	ggtatttcct	gtggaactcc	360
ctggagatga	aacctgttgc	atcctggcgc	tcttcatggt	ttccatgcac	ctcaatcaca	420
tctcccaaca	ccttaacttt	gagttcctct	ggggagaagt	gcttcacatc	caggttgaca	480
gagaacctgt	ccttctccag	gcgcctctct	gagagtccag	tgtcaaacca	gctgggtgcc	540
cgcaggaagg	agggtaggag	aaggtagaag	ggactcaggg	aagtagacgt	cgggaaaaga	600
tcagactcca	acaggtgctc	tccgaagaac	tggtcaaaga	ggcggctggg	ggagtggaaa	660
ggaaagaagg	ggcggcggat	ccaggggtgg	tggtggcgga	tgtccatggg	ggctaggtga	720
gtgtgagggg	tcagctggcc	tggtcagctc	cttcagctgc	agctacagcc	agcccccttat	780
atatgcagtc	ttgtgaagct	tctggaatgg	tgatgtcagg	ggttttatta	tcctagctca	840
ccagcagttc	atggagactt	gtgatccggg	atttggaat	gtgacacata	cccagtactc	900
actgagctaa	gaaaagagag	acacaaacac	gtctgagccg	gccagtgact	tgatcatggtc	960
ttgtttcact	agctttctgt	ccacacccaa	tggcacccac	ccccaccctt	gttctctgaa	1020
gctggtacag	agtcag					1036

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
accacgaggg ctgccctccc ctgcgcactc ccctcgctgc ccgggcccgg agcgcgagtgg 60
ggccgcacag attcacaatg ttgaaagccc ttttcctaac tatgctgact ctggcgctgg 120
tcaagtcaca ggacaccgaa gaaaccatca cgtacacgca atgcaactgac ggatattgagt 180
gggacccctgt gagacagcaa tgcaaagata ttgatgaatg tgacattgtc ccagacgctt 240
gtaaagggtgg aatgaagtgt gtcaaccact atggaggata cctctgcctt ccgaaaacag 300
cccagattat tgtcaataat gaacagcctc agcaggaaaac acaaccagca gaaggaacct 360
caggggcaac caccgggggtt gtagctgcca gcagcatggc aaccagtggg gtgttgcccg 420
gggggtgggtt tgtggccagt gctgctgcag tcgcaggccc tgaaatgcag actggccgaa 480
ataactttgt catccggcgg aaccagctg accctcagcg cattccctcc aacccttccc 540
accgtatcca gtgtgcagca ggctacgagc aaagtgaaca caacgtgtgc caagacatag 600
acgagtgcac tgcagggacg cacaactgta gagcagacca agtgtgcatc aatttacggg 660
gatcccttgc atgtcagtgc cctcctggat atcagaagcg aggggagcag tgcgtagaca 720
tagatgaatg taccatccct ccatattgcc accaaagatg cgtgaataca ccaggctcat 780
tttattgcca tgcagtcctt ggggttccaat tggcagcaaa caactatacc tgcgtagata 840
taaatgaatg tgatgccagc aatcaatgtg ctgagcagtg ctacaacatt cttggttcat 900
tcattctgtc gtgcaatcaa ggatattgagc taagcagtga caggctcaac tgtgaagaca 960
ttgatgaatg cagaacctca agctacctgt gtcaatatca atgtgtcaat gaacctggga1020
aattctcatg tatgtgcccc cagggatacc aagtgtgtgag aagtagaaca tgtcaagata1080
taaatgagtg tgagaccaca aatgaatgcc gggaggatga aatgtgttgg aattatcatg1140
gcggcttccg ttgttatcca cgaaatcctt gtcaagatcc ctacattcta acaccagagal200
accgatgtgt ttgcccagtc tcaaattgcca tgtgccgaga actgccccag tcaatagtct1260
acaaatacat gagcatccga tctgataggt ctgtgccatc agacatcttc cagatacagg1320
ccacaactat ttatgccaac accatcaata cttttcggat taaatctgga aatgaaaatg1380
gagagttcta cctacgacaa acaagtcctg taagtgaat gcttgtgctc gtgaagtcat1440
tatcaggacc aagagaacat atcgtggacc tgagatgct gacagtcagc agtataggal500
ccttcgcgac aagctctgtg ttaagattga caataatagt ggggccattt tcatttttagt1560
cttttctaag agtcaaccac aggcatttaa gtcagccaaa gaatattgtt accttaaagc1620
actattttat ttatagatat atctagtgc tctacatctc tatactgtac actcaccat1680
aattcaaaca attacaccat ggtataaagt gggcatttaa tatgtaaaga ttcaaagttt1740
gtctttatta ctatatgtaa attagacatt aatccactaa actggctctc ttcaagagag1800
ctaagtatac actatctggt gaaacttgga ttctttccta taaaagtggg accaagcaat1860
gatgatcttc tgtggtgctt aaggaaactt actagagctc cactaacagt ctcataaggal1920
ggcagccatc ataaccattg aatagcatgc aagggttaaga atgagttttt aactgctttg1980
taagaaaatg gaaaaggcca ataaagatat atttcttttag aaaatgggga tctgccatat2040
ttgtgttggg ttttattttc atatccagcc taaagggtgt tgtttattat atagtaataa2100
```

```

atcattgctg tacaatatgc tggtttctgt aggggtatatt taattttgtc agaaatttta2160
gattgtgaat attttgtaaa aaacagtaag caaaattttc cagaattccc aaaatgaacc2220
agatattccc tagaaaatta tactattgag aaatctatgg ggaggatatg agaaaaataaa2280
ttcctttctaa accacattgg aactgacctg aagaagcaaa ctcgaaaaat ataataacat2340
ccctgaattc aggacttcca caagatgcag aacaaaatgg ataaaaggta ttctactgga2400
gaagttttaa tttctaagta aaattttaa cctaacactt cactaattta taactaaaaa2460
ttctcatctt cgtacttgat gctcacagag gaagaaaatg atgatgggtt ttattcctgg2520
catccagagt gacagtgaac ttaagcaaat taccctccta cccaattcta tggaatattt2580
tatacgtctc cttgtttaaa atgtcactgc tttactttga tgtatcatat ttttaaataa2640
aaataaatat tcctttaga
2659

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaa tgttgtcaat tttattaaaa gctgattcca 60
tttcttcaca cagttaagta cgtttctttc ttgttttgtt aaagcccatt tcataagagt 120
gagttggctc tgtgagacca tctactgataa agacacatac agttagcacc acacatttat 180
aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
atgtatttac agctaataaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
gtttttcgga gccagagttc ccagtgtctat gtgctgcttt agtgaatctt ttaagttaat 360
gcacctggg tcacaaccca aatccagaaa tttaatgaat taataaaggg gatgccaca 420
acaaatcata catcatttta tttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaac 480
acaacattgg tcctactatt tataggcacg atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagt 540
ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
tttcccttcc gaattatgct gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgttca 660
gatatcacat actttcacag tcgggttccc agctatagcc tctgagatat ttgacatctt 720
tatcatttca tatttatacg tagaagagca ttctgaaaaa taggagatct agttttataa 780
tagttgttca ctactcttg attagttgtt aaaaacaaca aatagcaacc ctcatggtac 840
tccatctggc tcattgcacg cgatgggtta caagcactgc ttaggaatcc accccaggaa 900
cctctccacc cttttactta gtaaaaacgg tccttgtcta aaatctgtag aagctcacac 960
aatgcaaaat ttgaactcaa acctatcttt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc1020

```

```

actggaagta caactgaagc atgaccaagg taagcctaaa actgaagagt aactgtcagal1080
tattgaatga ttttaaattg atgaaaatca tttggagaat ctaataataa aattacgggt1140
tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcatttt1200
caacacctac ccagagaaca ttattataat ataactctga gacaaaaaag aagggggagag1260
gagggattaa gcaataaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatc1320
tccttgaatt tgtaactttg tcatgatgca ggccaatggt agggactgtt taaaacctct1380
gtgtttatca gacctttct tctccctct ccaagttaca tgttctggt tgacgtctgg1440
accacattcc aatagcaaga gggaatcatt ctaaaacatc attcatactg ctgtgtagat1500
gagtctgatt cgtgccgcgg aaaagcattt tctgtattct tggagactta gagtaaaagt1560
tgagaaggcc tcagtccgaa agatccagaa ttccaattaa aataggagggt tctaaccaat1620
tataggctat ggcccaatac gccacatgaa ggagccttat tttactctgc gctcaaacaal1680
ttattttctt ctcaaaggac aaaacagcac ttttcatgat ccactgtctt ttaacgttgg1740
aggatgtgct atttggccac tataccocat aaattgaatt agccactttt tagtgcttgal1800
gactgtctcc taaaataact aacaagggtt gggctgggat taatattcag gaaaatccac1860
ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatggt ttgtaaaagt tacttctctc acttcatctc1920
tcacagaatt cacatgccgt tctttgttct gtagattcgc ccagtttcag cctgacttct1980
tattcagaga cttgtcatgg catttcacaa ataccgcagg tgcctttctt ttctgcaa2040
gagacacttt ctccctagaa cagaagatca cctttttctg agtctctctt gcttttactc2100
tgatcttctg aatggcgag cggggactgc tccaccagtc tgaccagcta aagtatgaat2160
cactcttcca tttgagcttc aacatgagta gttctccaat atctacctct gtgtaaatta2220
ggaaggagta ggtcttattt gtggaaactt caggcagagt gaatgggatg ttctcactct2280
cggccacggg gccatacaga gaaatctcaa aggcctgatt ggtatgggtt tcaactctcag2340
tcccagaaaa atgaatcttt acttggtaat ggaagacttt gtagggcatc tgagaacgag2400
tcttcaggtt cattttgctg cttcttttgg ctctgacttt attgatctca tagcccagat2460
tggtgcagcg gttctttcta caactcaagc agagcccttt ctcaaaggct tccttggaac2520
tgcacctgta ggccttactt ggattttctt cattcaacag agagtcgatg aagagatgaa2580
tggagcgctc gtgggagcac ttcactagct ggtccacatc tccaagtctt ctctctgcaa2640
tcacgcggat agcttctcca atgttacatc ctggctgaaa agtacctcca ttcgggtaaa2700
tgtcaacatg cccaactggg ttctggattc caatgcttcg accaggggac cctctggtga2760
atgtgtgtaa gacgtctaca aaatctgcat catcaggaga aagacgactc ggggcttctg2820
catactcaaa gttaggtcca gctggatcga ggccagtaat tctgttgaac tttcttattg2880
gtcagacttc ctgcaatgcc agcagcatgg gctccaaggc tgtatcccaa gagatggac 2939

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3670 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcacgcgcat	gacgcgcgcc	aatgccaccg	aagcctccaa	gcccccaaggc	acaacgggtgt	50
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180
tccccaaaga	gaagaagccc	ctgaagttgg	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcca	ccagctggac	aacctcagcc	300
accacttctt	catcatgggc	cgcaaggtga	agagccagta	cttgcctgacg	gccatccaca	360
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aacctatgagt	420
gccccacctt	tcagtcctgt	tttaagtgat	tctcccgggg	gcagggtggg	gagggagcct	480
cgggtggggg	gggagcgggg	gggacagtgc	cccgggaacc	cgggtgggtca	cacacacgca	540
ctgcgcctgt	cagtgtgga	cattgtaatc	cagtcggcct	gttcttgca	cattcccgc	600
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660
ccattttgat	taggaaggtt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720
ggaggtgaca	aaccttttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggatttg	780
gcggaaagtg	agagccagca	gcaaaaaacta	cattttgcaa	cttggtgggtg	tggatctatt	840
ggctgatcta	tgcttttcaa	ctagaaaatt	ctaattgattg	gcaagtcacg	ttgttttcag	900
gtccagagta	gtttctttct	gtctgcttta	aatggaaaca	gactcatacc	acacttataa	960
ttaaggtcaa	gcccagaaaag	tgataagtgc	agggaggaaa	agtgcagtc	cattatgtaa	1020
tagtgacagc	aaagggacca	ggggagaggc	attgccttct	ctgcccacag	tctttccgtg	1080
tgattgtctt	tgaatctgaa	tcagccagtc	tcagatgccc	caaagtttcg	gttcctatga	1140
gcccggggca	tgatctgac	cccaagacat	gtggaggggc	agcctgtgcc	tgcttttgtg	1200
tcagaaaaag	gaaaccacag	tgagcctgag	agagacggcg	attttcgggc	tgagaaggca	1260
gtagttttca	aaacacatag	ttaaaaaaga	aacaaatgaa	aaaaatttta	gaacagtcac	1320
gcaaattgct	agtcagggtg	aattgtgaaa	ttgggtgaag	agcttaggat	tctaattctc	1380
tgttttttcc	ttttcacatt	tttaaaagaa	caatgacaaa	cacccactta	ttttcaagg	1440
ttttaaaaca	gtctacattg	agcatttgaa	agggtgtgcta	gaacaaggtc	tcctgatccg	1500
tccgaggctg	cttcccagag	gagcagctct	ccccaggcat	ttgccaaagg	aggcggattt	1560
ccctggtagt	gtagctgtgt	ggctttcctt	cctgaagagt	ccgtgggtgc	cctagaacct	1620
aacacccctt	agcaaaactc	acagagcttt	ccgttttttt	ctttcctgta	aagaaacatt	1680
tcctttgaac	ttgattgcct	atggatcaaa	gaaattcaga	acagcctgcc	tgtccccccg	1740
cactttttac	atatatttgt	ttcattttctg	cagatggaaa	gttgacatgg	gtggggtgtc	1800
cccattccagc	gagagagttt	caaaagcaaa	acatctctgc	agtttttccc	aagtaccctg	1860
agatacttcc	caaagccctt	atgtttaatc	agcgatgtat	ataagccagt	tcacttagac	1920
aacttttacc	ttctgttcca	atgtacagga	agtagttcta	aaaaaaatgc	atattaattt	1980
cttcccccaa	agccggattc	tttaattctct	gcaacacttt	gaggacattt	atgattgtcc	2040
ctctggggcca	atgcttatac	ccagtggagga	tgctgcagtg	aggctgtaaa	gtggccccct	2100
gcggccctag	cctgaccggg	aggaaaggat	ggtagattct	gttaactctt	gaagactcca	2160
gtatgaaaat	cagcatgccc	gcctagttaac	ctaccggaga	gttatcctga	taaattaacc	2220
tctcacagtt	agtatcctg	tccttttaac	accttttttg	tggggttctc	tctgaccttt	2280
catcgtaaa	tgctggggac	cttaagtgat	ttgcctgtaa	ttttggatga	ttaaaaaatg	2340
tgtatatata	ttagctaatt	agaaatattc	tacttctctg	ttgtcaaact	gaaattcaga	2400
gcaagttcct	gagtcggtg	atctgggtct	tagttctggt	tgattcactc	aagagttcag	2460
tgctcatcac	tatctgtcca	ttttgacaaa	gtgcctcatg	caaccgggccc	ctctctctgc	2520
ggcagagtc	ttagtggagg	ggtttacctg	gaacattagt	agttaccaca	gaatacggaa	2580
gagcaggtga	ctgtgctgtg	cagctctcta	aatgggaatt	ctcaggtagg	aagcaacagc	2640
ttcagaaaaga	gctcaaaata	aattggaaat	gtgaatcgca	gctgtgggtt	ttaccaccgt	2700
ctgtctcaga	gtcccaggac	cttgagtgtc	attagttact	ttattgaagg	ttttagacct	2760
atagcagctt	tgtctctgtc	acatcagcaa	tttcagaacc	aaaagggagg	ctctctgtag	2820
gcacagagct	gcactatcac	gagcctttgt	ttttctccac	aaagtatcta	acaaaaccaa	2880
tgtgcagact	gattggcctg	gtcattgggtc	tccgagagag	gagggtttgcc	tgtgatttcc	2940
taattatcgc	tagggccaag	gtgggatttg	taaagcttta	caataatcat	tctggataga	3000
gtcctgggag	gtccttggca	gaactcagtt	aaatctttga	agaatatttg	tagttatctt	3060
agaagatagc	atgggaggtg	aggattccaa	aaacatttta	tttttaaaat	atcctgtgta	3120
acacttggct	cttggtacct	gtgggttagc	atcaagttct	ccccagggtg	gaattcaatc	3180

```

agagctccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccattttccc aaacctaaaa3240
tctgtttttc tcatcagact ctgagtaact ggttgctgtg tcataacttc atagatgcag3300
gaggctcagg tgatctgttt gaggagagca ccctaggcag cctgcaggga ataacatact3360
ggccgttctg acctgttgcc agcagataca caggacatgg atgaaattcc cgtttcctct3420
agtttcttcc tgtagtactc ctcttttaga tcctaagtct cttacaaaag ctttgaatac3480
tgtgaaaatg ttttacattc catttcattt gtgttgtttt ttttaactgca ttttaccaga3540
tgttttgatg ttatcgctta tgttaatagt aattcccgtc cgtgttcatt ttattttcat3600
gctttttcag ccatgtatca atattcactt gactaaaatc actcaattaa tcaataaaaa3660
aaaaaaaaaa                                     3670

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1025 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ctttaaccag ttatttacag tgtgctcatt cgttcagaaa ttagatacaa aatctcaaga 60
cctgttacta ctgattttat taaatcagag tctttaattc ttgcatgttt gtatctaatt 120
tctgaacgaa tgagcacact ttaaccagtt atttacagtt acctttttcc ttttaaccgga 180
ttgtgaaagc tcatgtatt ttaattttaga ttctgtgttt ttaaggggtc tgagcatgaa 240
gctggcagat agtcggcagg actcattttt tcatcatggc tggctgattt ctccatagat 300
tgataacagt attttgttat cttgcttctc tgtagttttg catcagctgt ttaactttga 360
gctgagtgag gggagagggg taaagagaaa gaaacttaag ttttctttca cagaactcca 420
ccattgtggg ctttgagaga gccctaaagc attgtacctt gtggtacctt gtgacttcca 480
accaaagcct ttgagtatgc actaaatagg tgagaagaaa ggagagaagg tttttagggt 540
agaaaccttt aaccgataga aggatatggt atgttgtaaa gctggaacca agtttgcat 600
tttgagggct tgagatgaag ggaagactct taccagatag taagacagct gagttttcct 660
cagttttctc gtcttaacac tagtggaaca ttctagcatt ttgtttggag gatttcagag 720
ttaacctcat ggaattcagg attttttagc aagtttgctt ttggttttat ctgggctttt 780
agtaatcatg ttggctgggc tggtcacagg tgactgtgaa acagatgccc tggctcttgc 840
ttcatcactc taggatcatg aagtgcctat ctatttcctg gttatgaata ttaaggttgg 900
aattacattt ttattgattg tttggatcag agctcagttc ctgtagaaaa cgaactgtaa 960
aagaccatgc aagaggcaaa ataaaacttg aagtgaatgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1020
aaaaa                                           1025

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
ccaggaggct gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggccttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agaggtccaa cgcagtcag ctgacaagga tggaatacgc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcattgtg cagtgcgtac ctctgtggtg 240
acccagcagc tgctgtcgga gcccagcccc aaggccccc gggcccggcc ctgccgcgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggcct acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggt gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtag ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggctcctc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```
gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
aatgtgtata gcgcacttcc catttgtgtt tcagaaaagg gtagaatata aacacataat 180
tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
agtaggttga ggacaggaga gggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
atthtgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaaacagg 360
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
gaggcctgcg cccacaccct ctctgtcca gccctcgccc gcctgggcag ggcccggcgc 60
cgtccgtgga tgagccacag aacctcttcc acctccgag cggagagaag tttccattcc 120
tcttctctt cctctccgc tgccacctcc tctcggcct ccgtgctct cccggcccag 180
gacccgcca tggagaaggc cctgagcatg tttccgatg actttggcag cttcatgcgg 240
ccccactcgg agccccctggc cttcccagcc cgccccgtg gggcaggcaa catcaagacc 300
ctaggagacg cctatgagtt tgcggtggac gtgagagact tctcacctga agacatcatt 360
```

```

gtcaccacct ccaacaacca catcgagggtg cgggctgaga agctggcggc tgacggcacc 420
gtcatgaaca ccttcgctca caagtgccag ctgccggagg acgtggaccc gacgtcgggtg 480
acctcggttc tgcgggagga cggcagcctc actatccggg cacggcgtsa cccgcataca 540
gaacacgtcc agcagacctt cgggacggag atcaaaatct gagtgcctct ccttccctt 600
tccctgtgcc ccccgcccca cgcctgccag caaagcctcg ctaaccccat tacaacagct 660
ccaggacatc tcagcccagg ttctageccc cagcaccccc agaccccagg tggaccatcc 720
tcccaaaacta gggccctcca ctctatccag ggcaggccag ggactccctg gectgacaca 780
tgatgccagc atttcagatt tggcctccgt cacttaatcc agagtacagg ggctgggggtc 840
aggggaaggaa gatctaaaga acccactgtg ggtcagggga atgggaccag caggacatat 900
gggcaagctc tgcaggacag acaggcagac aaaccctctg atctatgaag tctctgcagg 960
gcaaggggac cagggacctg gaacctctt ggccaagggg agtgggagag acagagggaa1020
ggtcacaggc aagggtgctt atctaagtgg aactaattgc ccgagggtc agcaaggcca1080
agaggagaca gccgtgacgg taaacttccc ctctaccagc ctccaagccc cagccagcg1140
agcaggagca ctgcccaccc cgtgccccca ccagactggc tgtgccaggg cagagccatg1200
ccacatctgt atatagatgg ggTTTTTcca atacagctgg ttcgtgataa actgcatgaa1260
actcctgcgc tcttgcgctt gctggggcct ccaggcaagg ccacgtgggg ttgggggtgg1320
ggctggctct tctccctccc acaggcctgt gttcttgggg ctgctcccat gcagacagg1380
tcacctaaac gagatggaag ccagggcctg gatggggcct tgggtcctcg aggttggacc1440
ccagcttctt gccaccttcc cctccgggca gtcagctctc catccatccc cctctttaat1500
ctatgaatct ataggctcgg tgtgtgtaac acacacaccc ctatcgttgt ccttcaaata1560
ctcagcatta ccattgggtg aggccaaatt cagagctttc tcaaatacaga tttacaatct1620
ccattttcat taacggggaa acatccccga gccactgagt gctgtgcttt gtcactgaag1680
gttagatctg aacccagggt gtcaacagct gctctcaact cccacacctt gggcactgag1740
gagtatttcc cctcattcta cctctctaag gctatgcacc cctccccacg tcttcagct1800
gggggatggg gggagtcata ggaaaagccc ccacttccca tctgggatag ggaccttcca1860
tcagccttaa ccttgggaaa tgcttctgct cccagtgac tcttggtttc gtctccaca1920
tacagaagca ggggtggagg gaagggtggg tctcagttag caggggtccc cagggcaagt1980
cagcctcttc cctccatgcc tctctggtca gtgtgcctta ggggtggcctc tcaactccac2040
cactctgggc ccttggggg aggactggg agggggccgt gggagagccc tgacgtgga2100
acctgtatac acaataaagg acagtctcac agacaaaaag aggcgcctg ccgagttct2160
caaacttagg gcagggcctt acttgagaga aa 2192

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
gtgcgggatgc cggccggcag cagcatcatg gctcacgggc ccggcgcgct gatgctcaag 60
tgctgtggtg tgcggcagcg ggcgggtgggc aagacgtgcc tactcatgag ctatgccaac 120
gacgccttcc cggaggagta cgtgcccacc gtcttcgacc actacgcagt cagcgtcacc 180
gtggggggca agcagtacct cctaggactc tatgacacgg ccggacagga agactatgac 240
cgtctgaggc ctttatctta cccaatgacc gatgtcttcc ttatatgctt ctcggtggta 300
aatccagcct catttcaaaa tgtgaaagag gagtgggtac cggaacttaa ggaatacgca 360
ccaaatgtac cttttttatt aataggaact cagattgac tccgagatga ccccaaaact 420
ttagcaagac tgaatgatat gaaagaaaaa cctatatgtg tggacaagg acagaaacta 480
gcaaaagaga taggagcatg ctgctatgtg gaatgttcag ctttaaccca gaagggattg 540
aagactgttt ttgatgaggc tatcatagcc attttaactc caaagaaaca cactgtaaaa 600
aaaagaatag gatcaagatg tataaactgt tgtttaatta cgtgagaaac atcttcagt 660
gccaaaggaaa ctgtccattt ctctcagaaa gcaaatgaaa tgctacagct ataccagac 720
cttttatagg taatgaagca gttcaaaact tgaaagaaaa caaaacctgt cctcagaatt 780
ctataaagtg tattaaagaa gtcccttaaa ggtttaagaa gcagtaagca gcatctgaag 840
ccacaatcta ttataaatac ttattttcaa ctagaaggta caatctctca ggggtttcat 900
agtttaaaaa gctacaatca catcatgttg taactacgta aaaaacagag ctgtaaatgg 960
aactgcttgg ctttgaccat acacatttct gccagccct tacagaatct gcacaaagaa 1020
atatctccct ttgctccagt taattgttct tgtatgtaag ttgctttcta tccagttata 1080
tccagagtgg tgaataaca aggccagcca cgtagccaaa ggctcgctcca agcgtacagg 1140
agatgggcca tacctgagga gagaatgtat gagatcaaaa aagaacaaat gttttattat 1200
tacttgagca caagtgtaac ctaaaatatt ctatattaaa gcttaatgtg ctttcttaaa 1260
gaatgccaaa agtgtaataa ggtcataact gcatttatca tgaacactaa aaatgtacac 1320
attttatgta atgtgcatta aactgtaaca aggttcttgg caattgtaga tttagtttga 1380
cgctcccaa agtgcatgag acacatgcta aaattacaaa ttaaaatttt gggtcagact 1440
ttgccataat gatagactca atttagctct ctgaactagt tggtaatttt tttttttaaa 1500
ttcccacttt ggctgtgtac atcaaataa atgagaagt tgtatgctga ccaaaccaca 1560
agaaactttc ttaagttgt gttaaagagg aaagacctag aatccaagcg tgttacatga 1620
aaattgtaac agagcagctg cttccacctt tcagatatag atgttggaac cacagcagaa 1680
gttatagagc gacaacttat atacacacct agaattgaag ttaaacaaaa taccggcttc 1740
cagagacccc ttttctccag ccatattaca tcaggctaga agtaattaat gttgatttat 1800
ttcatctaca agcagttggt ccctaagtga aaggctctgc ttgaaaaaaa aaagaaaaaa 1860
aagttggagg aaaattttca tgttcttctg tgaagcttat ttggtacact ggagccattt 1920
ctaattcttc tctgggggga acaggccaca gaactgtgtt agaggtgaac catcttaatt 1980
actatctcta ttacctaat cagcttcctt gtttggctct ctgtggatct gccttattgc 2040
atatgccatg catcagataa tggatgcac agataatggt gttagacaaa gcttcattgt 2100
gaacaaccta atgcatttta gagaaacaat ctcatcacat ttttcttagc ctttctaca 2160
tttaaacttg ctgttgccca aattataatt ttttaaattg ctttgggtgg cttctgttaa 2220
ttcacatgac ttgagcttat agctatgtct actgcacaga ttgggtaatg gaacactaaa 2280
cttttatact tgaatgtgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac 2340
tgtcttggtg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaaat ataagcatca ccttccatt 2400
gaagagtgga gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcgacatt 2460
tggatgtctt ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta 2520
tgctcaaatg gaattctatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta tttttagata 2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggt 2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac attttcaact tgcctttggg tcttatgag 2700
gatttttttt ggtgggggga gggggctcca attcatatct ctgaaacctc tcacacttgg 2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgcctgcc ctaacagaaa cagattagga 2820
atgtgtctac acaaactggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata 2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt 2940
attcacagta at 2952
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgtga tccgcccacc ttggcctccc aaagtgttgg 60
gattacaggc gtgactcacc atgcccagcc acttagtttt ttcttattcc cacccttcta 120
tcccatagaa cactcttttt tatcttcctt gaaccatatt gatgagataa atagggctgg 180
gggctgggcc ccgctgggtca ctcaacagag tatttcctt ggccgagatg gaagtgttgt 240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttgtgtc 300
ctggagacgg tggtagcctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca atgacagtcc 360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct atcctctgtt 420
cccaaattgt ggtggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttccctttga aactacttta 480
ttttactaat ttaaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagttcat gaaaatgctg 540
tgcactcatt ccatggaata aatgttgga agctgatctt ttctgatata aaatgttgaa 600
tgataaaaaa aaaaa 615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgca ggaacatttc acaaactctac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtctc catcaaagt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaacccga accaccaaac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttaa tgggactatc cagatcttgt gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttccttc tctccaaatt ttaccaagt gacttctaca 480
ctgttgaact ctgcttacc attcatagga cctttttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gttaaccaag cttttgggtg atagcagcct ggttggaagc 600
attctgagtg ctctgtctgc cctggtgggt ttcattatcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaactctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcactttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
ctggctggaa ctctctctct gatgctgatt tgcactctgc tggaaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcggtg gaaacaggct tactctgact tccctggggg gagtgtgctg 900
gccggtctca cttaaccttg cctagtgtat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggg agaaggaaca accagccaat cagcagatac acatgggagg gcatttgcatt 1020
tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt 1080
cactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc 1140
agcgaaggga atgagactct gggaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt 1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataagcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtta agggcattta cacacgtaac 1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgccctgg tgatcttaaa attcgtttgc 1380
ctttttaaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaaggg agtgagaggt 1440
ggggtggggg gggggaggag ggggggcccgt ttaggggggg ccgggttt 1488
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttcggtctga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtaggtt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtgggttac cttcatttag ctttggaagt 120
tttctttgcc ttagttttgg aagtaaattc tagttttag ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaataattga ccctggatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg ttcccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaactctt 480
caatataagc tatgaagtaa tagttgggtg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaattac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgat ataattagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggcttta 840
ttaagaaaac agcagaaaaga ttaaattctg aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgccataat ttgccagtag ccacagatta agattatct ttatatatca gcagattagc 1080
tttagcttag ggggaggggt ggaaagttt ggggggggt tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc ttaataaag acttgcttta caccgtgctg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaat acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat ctctctttac ccctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgtat 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgccctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agagtccttt ccctttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttatgtc cttgttccta atgtaaaag ctttaactgc ttcttggtt tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact ttttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgccttt aaaggaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgttaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatgga 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaagt ggtggcaata ttcagtgcct aacacttttc 1920
tagcgttggg acatctgaga aatgagtgct caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt tttcttatg taatacctt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

accagcaagc aaccggccga agtctggaag ggcgccggag ccccgcgaa cggcccgacg 60
gagcgcagga ggttccccgc cgccgcgcgc ttggccccga gttcctgcag ccgcagccgg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcccc gctgcggccc gcggtctccg gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaattg cccttcccca 240
tgccagcgtt gttcatggta tacacttgta tgagcaacca aagataaaca gacagaaaag 300
caaatataac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaatgaaa acaacttttg 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaatac 420
cgagaacatt aaaaattcgc atttgaagaa atcagcattt ctaactgaag tgagccaaaa 480
ggaaaattat gctggggcaa agtttagtga tccaccttct cctagtgttc ttccaaagcc 540
tcctagtcac tggatgggaa gcaactgtga aaattccaac caaacaggg agctgatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaagtcca aacttagatt tcagatttca gtatgtgtgt 660
aaaacataat tttcccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaatt 720
tgcttgtttg caacatacaa ttgcaaaaga tgagttttaa aaattacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatattttg taaatactgt ataccatgta ttatgtgtat attgttcata 840
cttgagaggt atattatagt tttgttatga aagtatgtat tttgccctgc ccacattgca 900
ggtgttttgt atatatacaa tggataaatt ttaagtgtgt gctaaggcac atggaagacc 960
gattttattt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaa cagctgtcaa atctcaaggt 1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatg cactactgaa gtttaaatct gtggcacaat 1080
caatgtaagc atggggtttg tttctctaaa ttgatttgta atctgaaatt actgaacaac 1140
tcctattccc atttttgcta aactcaattt ctggtttttg tatatatcca ttccagctta 1200
atgcctctaa ttttaatgcc aacaaaattg gttgtaatca aattttaaaa taataataat 1260
ttggccccc ctttttaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
ccacgtagcc tcgtgccgct gcgtgcagct tctgtctccc tgtttttcta atcaaggggt 60
taggactttg ctatctctga gatgtctgct acttgctgca aattctgcag ctgtctgctg 120
ctctaaagag tacagtgcac tagaggggaag tgttcccttt aaaaataaga acaactgtcc 180
tggtctggaga atctcacaag cggaccagag atctttttta atccctgcta ctgtcccttc 240
tcacaggcat tcacagaacc cttctgattc gtaaggggta cgaaactcat gttcttctcc 300
agtccccctgt ggtttctgtt ggagcataag gtttccagta agcgggaggg cagatccaac 360
tcagaaccat gcagataagg agcctctggc aaatgggtgc tcatcagaac gcgtggattc 420
tctttcatgg cagaatgctc ttggactcgg ttctccaggc ctgattcccc gactccatcc 480
tttttcaggg gttattttaa aatctgcctt agattctata gtgaagacaa gcatttcaag 540
aaagagttac ctggatcagc catgctcagc tgtgacgct gaataactgt ctactttatc 600
ttcactgaac cactcactct gtgtaaaggc caacagattt ttaatgtggt ttcatatca 660
aaagatcatg ttgggattaa cttgcctttt tccccaaaaa ataaactctc aggcaagcat 720
ttctttaaag ctattaaggg agtatatact tgagtactta ttgaaatgga cagtaataag 780
caaatgttct tataatgcta cctgatttct atgaaatgtg ttgacaagc caaaattcta 840
ggatgtagaa atctggaaag ttcatttcct gggattcact tctccaggga ttttttaaag 900
ttaatttggg aaattaacag cagttcactt tattgtgagt ctttgccaca ttgtactgaa 960
ttgagctgtc atttgtacat ttaaagcagc tgttttgggg tctgtgagag tacatgtatt 1020
atatacaagc acaacagggc ttgcactaaa gaattgtcat tgtaataaca ctacttggtal 1080
gcctaacttc atatatgtat tcttaattgc acaaaaagtc aataatttgt caccttgggg 1140
ttttgaatgt ttgctttaag tgttggctat ttctatgttt tataaacc aaacaaaatt 1200
ccaaaaacaa tgaaggaaac caaaataaat atttctgcat ttcaaatgaa aaaaaaaaaa 1260
aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

WO 99/47655

PCT/DE99/00909

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgcgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgct gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttacatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctcctataaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaatattcca aatgttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cctttcaacc 300
cttgtaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg ttctctgatg 480
ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcctttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540

```

```

ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggtcact caatcccttg tttccagttt cacattctac tactttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaaata atgcaagtgt 840
atattattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgccttg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaaggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctccctctgac 1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg 1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg 1140
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccaacta 1200
gccactgtta ttttccctcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact 1260
ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatctcttg 1320
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttccat 1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttggt gaaggccctt tttccttgga tgtgtagt 1440
tatgatcttt ttaaatgtac agatattttg ctataaaatc ggtgcagttt tttatgg 1500
ttacacttct cttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaa 1560
atgcacagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaata 1620
atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cactttagt 1680
tacctattta cagaaaagat aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtact 1740
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgat 1800
aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttc 1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaac 1920
ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaat 1980
tttataaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataata 2040
actatttaca ctactagaaa gaaaagagaa gaa

```

2073

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

ctattacaca tgagggtttt aatgtattta gacctgacaa taggggtgtc acttagatgt 60
gatctcagtg ttgtgggtaa ctttgtgtgt ctttaattcg aaatctggaa catagatgat 120
qattttttcc tttgaattaa cttaatgtgt tctcttcctt acagatttca gaacttatat 180
ttccacctct tccaatgtgg caccctttgc ccagaaaaaa gccaggaatg tctcgaggga 240
atggccatca gaatcactat cctcctcctg ttccatttgg ttatccaaat caggggaagaa 300
aaaataaaacc atatcgccca attccagtga catgggtacc tctcctgga atgcattgtg 360
accggaatca ctggattaat cctcacatgt tagcacctca ctaacttcgt ttttgattgt 420
gttgggtgtc tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaaccatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgccaaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gogtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgaggc 840
atgaaaaaaa
850

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactcttc atcttccccg ccgctttttg 120
tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaatc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttgggtgaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcggtg aaaaagctag ttatatttca gagaaatgat ttctattatt gaaactgttc 600
tccctagcag gccattttcc ctttttcctg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa aggggaagaa ggggagaagg gaagagggtta aaaa-aaagt gctcagacct 720

```

```

atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
tttgcatctt tccatatttg caggaaggta tttctgact tgcaatgcag ctgatgttaa 840
aattttattt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgaggggtt 900
cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaatgt aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaacact ctctggctta tagtctcttc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgttttgtt taaacacact tttcaccaaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggttttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320
tcacaggcca cggcaacaac aacgacaaca acaaacattt ggaatattat tctcaactca 1380
cgttttaata atacatctta ttatttttct agtagagaaa ctacaaatca gcctcttcaa 1440
catttatata cagtttaata agcctcttgc aagttacttg ttctctcacc tgaggtattt 1500
tttctctccc cacttgccc ctgttctctc ctctctcttc tccctttgca agaggaaata 1560
tttaacatat ttgggtccaa ctccaataat gtaataatta atacattaaa agcatttaac 1620
ttcctttcta gaaaaatgca caggctaagg catagacaaa acaaagagaa atgctgagaa 1680
atgtgccact ggagacaagc aatctgaata aatatttgcc aaaagtctt tttatgtcat 1740
atagtgtcag gatttgaagg agctattttt ttttaatgtt gcaactagca actcatcttc 1800
ggaagacaca gccaggagaa tgaagttaga gtgaaagggt tataaatcca ttgttaagca 1860
tttatcccat atattttaaa ttcaagaaaa attgtgttta tctttagaat ttgtattca 1920
atactttatg tactatgtga ctcatgcttc tggataaata aagcaccaaa tatgtatctg 1980
taaccacaat cacacatatt atattaaata tatatctata taacagccaa aaaaaaaaaa 2040
agaagagaag aaaaagaaag gagagggggg gggagagaag gggggggagg t 2091

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

ctcgtcccaa accaggacac cctctctaca gtaaatacat gcgtggggat gtacttgtga 60
tgctgaagca gacggaaaat aattacttgg agtgccaaaa gggagaagac actggcagag 120
ttcacctgtc tcaaatgaag attatcactc cacttgatga acatcttaga agcagaccaa 180

```

```

acgatccaag ccacgctcag aagcctgttg acagtgggtgc tctcatgct gtcgtttcttc 240
atgatttccc agcagagcaa gttgatgatt tgaacctcac ttctggagaa attggtttat 300
cttctggaga agatagatac agattggtac agagggaact gtagaaacca gattggcata 360
tttctgcca actatgtcaa agtgattatt gatatcccag aaggaggaaa tgggaaaaga 420
gaatgtgttt catctcattg tgttaaaggc tcaagatgtg ttgctcggtt tgaatatatt 480
ggagagcaga aggatgagtt gagtttctca gagggagaaa ttattattct taaagagtat 540
gtgaatgagg aatgggccag aggagaagtt cgaggcagaa ctgggatttt cccctgaac 600
tttgtggagc ctgttgagga ttatcccacc tctggtgcaa atgttttaag cacaaagta 660
ccactgaaaa ccaaaaaaga agattctggc tcaaaactctc aggttaacag tctccggca 720
gaatgggtgtg aagctcttca cagttttaca gcagagacca gtgatgactt atcattcaag 780
aggggagacc ggatccagat tctggaacgt ctggattctg actggtgcag gggcagactg 840
caggacaggg aggggatctt cccagcagtg tttgtgagc cctgcccagc tgaggcaaaa 900
agtatgttgg ccatagtacc gaaggggcag gaaggccaaa gccttatatg atttccgagg 960
ggagaatgaa gatgaacttt ccttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaatctgt1020
agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatttc ccaaaaacta1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac1140
tcacttgaac tatcacttg actatcagat atgtttttgc actatttttt ttaactgaaa1200
aagaaatatac taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga1260
ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aagtggaagg gaaagcatct ggtggcatgg1380
cagcatgggg aggtctcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag1440
tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaaa aaagaggaca tttaatattc1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaa1560
taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg1620
gatagtttac tgactagttg gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgcccac1680
caaaataatc tttatgttac caagtgatcc ccatttgtct aaggatttga agggggtcta1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaal800
ctaactcctc catatatgtg ccatacttat tttttcttc agtgtatact ttatgttaac1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtctgtt1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaataatt2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tcctgcaca2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tgttataaat tctaagctta2220
agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca2340
ctttcccaac aatggtcatg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc2400
acattcttagc ttttattgtt tttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatat tttggtctt2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta2640
atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agtttttga2940
gaatggaggt gg
2952

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
cataatagtt aactctactt actgttttaa catacatttg atttaacaaa ttgttcagca 60
taacacttct aattaagttt atcaagttgt actgtattag ataatcagca gtgtatctgg 120
agtatgttta aagagaacag ttcgcaatac aaaaagttac atggagcttt acatcttaac 180
tttctttgtc aatttaaatg caatgtataa aaagtttatt ttgctattgt gaaaaactaa 240
atgtaaagga aatcacctac tttcatgcag gtgtataatc ttgaaaagga aaaatgcttc 300
catgttgaag ccagattttc tgtagtaaaa cttttaaata ttattttaaa agaaatatgt 360
atataaatat ctctatattc tttggaatga tactaaagtc tctggcttag gaccatacct 420
tatataaagg tataagagac catgacaatg tctgaaaatg gaatagataa tgatgccttt 480
tatttaaagt ggcccacata atatacattg agtactccat ctctccaaat gtatttccat 540
aatgtgttga aaacatgcta acatttgtat gatttttata cttctgccga atagacttag 600
aatcagatga attgtctgtg tgtcttgcaa aagagtggg gacaacttgg gcaggcctat 660
gaagtgcata gggagtgtat gtcttctgaa tggttttatt gttcttgtaa tctagcttaa 720
agaaatgtta actgggaggg tgctgaggcc actcactgca ttaattttgt gtgttttagag 780
ttctgttgtc aaaagaaaac taatgaataa attagtttgt cattctagaa tttaaagttc 840
taagattagt ataaagagta tatagattgt taatccccac cagctagact ttgaacttaa 900
gtcagactta aagatttgag aaattatttg tgtcatttac tagacgtgat ttttagttct 960
gtttgattat atttcttaca caaacttctt atttaacagg atagcctact aaattaaatg1020
tttcttattt cacttaactc atttgattaa actgtattct aaaacatttg gggtttttcc1080
ccctattcag ttttaactct ggaatatgca tttgtaaat gtgatgtcat tgagactata1140
tttatatttg acttggaac attaacatgt cctaagactt agtgcagaga agcttggcag1200
tacgttcttt gacttaagga tggcataaaa taatcatttt tgaacctgtg taataaagct1260
tgaaagcagg gaaaagaatt tccttttccc ctttttttgt gttgtctata ggaattaact1320
tgggattgtt ttgtgggttt ttgtttgttt taaatgtaaa ttgagaatct tttataagaa1380
ataaaaagcat tattgggtgc ctttgtttgt aaacccaaaa gtaataaatg aatccctata1440
tttccattat agtattttat gtatttttat gttctgaaaa ttacccatgg aacaatatgc1500
ttaggattac aggaagcagt ccttacttac acttcttgtc tgttttaggt gtacttgttal560
attcttatgt cctaatttta ttttaattctg agttccttac acagcatttt agggaaagaa1620
tacaggcagg atgacacttt gtgttaaagt gttattttta tgtattacct ggaatgaggc1680
aggttttttt ctgttttcta aaaagagtaa ccaagatacc tccagggtgt cattgggttc1740
cagctgtctt cctccacatt gaatgatatt ttgttaattt ataggcacat ttgtggtaat1800
ttatatgtct atagagtaag tataagagat aattcattag taataggaat taactgacct1860
cttttgatg ggggagagca tcaggctggg gtcaggtaag tgtaaatggc cttctgagca1920
tgctcttcta ggctgactcc cagccctgac ttgaaaccat tagcgctaac ttgctctgtt1980
ttgagaaaaa ctttccaaac ttttgcatga gaaactagaa aaaggaatgt atgccacgta2040
actggattac agaaatgagt taattgtctc tgtgataaaa aaaaaaatg aaatattttc2100
ttattgaatt aatatttttg tcttgaagca ttttctagtg atagaatgta tttgtctttt2160
ttctgtgttg taccctctta gcatatatct ttgctatcct taagatccta aacaaatcat2220
```

ctttgtcagt taagtatagt tgcgcaaaaa ttgttaaate ctttgtcttt attaaagaaa2280  
 aatttgagta acaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2313

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct  gggggagctc  ggggagcctg  cgggaccggg  ggagcccga  ggccaggggg  60
atcccgcggc  ggcgccaggg  aggcggagga  gcaggcggtg  gaggcgaggc  aggaagagga  120
gcaggacttg  gatggtgaga  aggggccatc  atcggaaggg  cctgaggagg  ggggacggag  180
aaggcttctc  cttcaaatac  agccccggga  agctgagggg  aaaccagtac  aagaagatga  240
tgaccaaaga  ggagctggag  gaggagcaga  gaactgaaga  ataacgaagt  tatccttagc  300
gtcctcctaa  aggtttttcc  ttttggcatc  ttaaaagctt  gagagataaa  acggaacccc  360
cagagaggag  tctgggcagg  ctcccagggt  gcatgctgcc  tccataaatc  tgctgagctc  420
tagaccctca  atcaggactt  gtcccttggt  tagcaggatc  ctgggaacac  ctttggccct  480
gccctgtgta  gagatgttca  tgtctgttcc  tgtgggtcac  tttgttaagc  tgaagagttt  540
taagaggtag  agctcagacc  ctggactggg  atttttctta  ccactcaaac  ttgctatcca  600
cacaccctgc  acaccttaga  taaaaagaac  attttaaaag  cagagtccac  tttcactcca  660
gtctcccttc  ttttgccttc  actgaagcca  aaccacagaa  gactttgagg  aatgagagac  720
aaatgaggta  gagctcacct  gtgctacca  gctccgtcag  ggtggtcagc  cgaccccttt  780
ccctgggaac  cccacttctc  tctgtggctg  gcttggttgt  cgggggtgag  atgccatatt  840
gattacaggg  cagcaaagaa  ccagtaccag  gaatttactt  gaccattccc  cttatttttc  900
atctagagga  atctcggtt  cagccctttc  attgctaaga  caccttttca  ctgaggttct  960
taccagctca  gccaaatctc  cactctgcta  tagcagaagc  aataatgttt  gctttaaaaa  1020
gatttcttga  cctatgcctt  ttcttagaaa  gtttgataga  ttagttagaa  cttcagatca  1080
tcagatcagt  ctcaaatggg  tttcttgtaa  ttttatattt  gacaatattt  atactatacc  1140
aaactcattt  gcagttctta  ggtttgttgg  ttaaacattt  tttttaagc  agtaagttaa  1200
tagaaaatgt  tttcatttaa  tgggaaggctg  gggaatgtcc  agcatcaacc  cctatggcat  1260
gcattcccag  tggccttctc  atctgggctt  ggaacctttg  gttcagggct  taggggagaa  1320
caggccacat  ggcaacagcc  acacagtcac  tgccttcaac  acagagccac  gtgtcccca  1380
acagcaatag  tcatgccctt  gtccagggctg  ggaatcaatt  gatacaatag  gtcgttgact  1440
ccctcctagt  agagctatct  aggtttgtct  ggaaagtttc  cgaccctggc  ttataggcac  1500

```

cacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtatc agcctttggt cagtccaata1560  
 aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaag gggagaaggg aagaaggaga1620  
 gggcacaag gcggaatggg ggtgagcttt 1650

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc cgccccgcgc ctgtcagctc cctcagcgct cgcccgaggc gcggtgtatg 60  
 ctgagccgct gccgcagccg gctgctccac gtcctggggc ttagcttccct gctgcagacc 120  
 cgccggccga ttctctctg ctctccacgt ctcatgaagc cgctggctgt gttcgtctc 180  
 ggcggccccc gcgcgggcaa ggggacccag tgcgcccga tcgtcgagaa atatggctac 240  
 acacaccttt ctgcaggaga gctgcttctg gatgaaagga agaaccaga ttcacagtat 300  
 ggtgaactta ttgaaaagta cattaagaa ggaaagattg taccagttga gataaccatc 360  
 agtttattaa agagggaaat ggatcagaca atggctgcc atgctcagaa gaataaattc 420  
 ttgattgatg ggtttccaag aaatcaagac aaccttcaag gatggaacaa gacctggat 480  
 gggaaggcag atgtatcttt cgttctcttt ttgactgta ataagagat ttgtattgaa 540  
 cgatgtcttg agaggggaaa gagtgtggt aggagtgat acaacagaga gagcttgaa 600  
 aagagaattc agacctacct tcagtcaaca aagccaatta ttgacttata tgaagaaatg 660  
 gggaaagtca agaaaataga tgcttctaaa tctgttgatg aagtttttga tgaagttgtg 720  
 cagatttttg acaaggaagg ctaattctaa acctgaaagc atccttgaaa tcatgcttga 780  
 atattgcttt gatagctgct atcatgacc ctttttaagg caattctaatt ctttcataac 840  
 tacatctcaa ttagtggctg gaaagtacat ggtaaaacaa agtaaatttt tttatgttct 900  
 tttttttggt cacaggagta gacagtgaat tcagggttaa cttcacctta gttatggtgc 960  
 tcaccaaacg aagggtatca gctatttttt tttaaattca aaaagaatat cccttttata1020  
 gtttgtgcct tctgtgagca aaacttttta gtacgcgtat atatccctct agtaatcacal080  
 acattttagg atttagggat acccgcttcc tctttttctt gcaagtttta aatttccaac1140  
 cttaagttaa tttgtggacc aaatttcaaa tcttaggagc attttagtgt ttattaaatal260  
 atgtgttttg taacaaaact caaatggat tcttaggagc attttagtgt ttattaaatal260  
 actgaccatt tgctgtagaa agatgagaaa acttaagctt tgttttacta caacttgtac1320  
 aaagtgtgat gacagggcat attctttgct tccaagattt ggggtggggg cactaggggt1380  
 tcagagcctg gcagaattgt cagctttagt ctgacataat ctaagggtat ggggcaaggal440

```

tcacatctaa tgccttggtt ccttatactc tattatatag tgttattcat gattcagctg1500
atcttaacaa aattcgtagc agtggaacct tgaaatgcat gtggctagat ttatgctaaa1560
atgattctca gttagcattt tagtaacact tcaaagggtt ttttttggtt gttttctaga1620
cttaataaaa gcttaggatt aattagaaga agcaatctag ttaaatttcc catttgtatt1680
ttattttctt gaatactttt ttcatagtta tttgtttaa aagattttaa aatcattgca1740
ctttggctag aaaaataata aatatactt ataaatgtt gattcccttc cttgctattt1800
ttattcagta gatttttggt tggcatcatg ttgaagcacc gaaagataaa tgatttttaal860
aaggctatag agtccaaagg aatattcttt tacaccaatt ctccctttaa aaatctctga1920
ggaatttggt ttgcgcttac tttttttct tctgtcacia tgctaagtgg tatccgaggt1980
tcttaatatg agatttaaaa tcttaaaatg tttcttatt tcagcactta catcatttgg2040
tacacagggc caaatagggc aaataatttt gtctttgtat aatagatttg atattttaaag2100
tacttgaaa taggacaagt taatggatgt ttttataatt taatagaatc atttatttct2160
atgtgttatg aaattcactt aatgataaat ttttcaacat acttgccatt agaaaacaaa2220
gtattgctaa gtaactatac atattggcca ctaaaattca tattgagatt atcttggttt2280
cttggaagag ataggaatga gttcttatct agtggtgcag gccagcaaat acagagggtgg2340
tttaaatcaa cagctctagt atgaagcaag agtaaagact aagggttcga gagcattcct2400
actcacataa gtgaagaaat ctgtcagata ggaatctaaa tatttatagt gagattgtga2460
aagcaacctt aaagttttga agaagactga tgagactagg tgctttgctt cctttcatca2520
ggtatctttc tgtggcattt gagaacagaa accaagaaac atggtaatta cttaaattatg2580
aggctttgct ttttggttgc ttttaagtag aaaaacatgt tggcaacatt gagttttgga2640
gttgattgag ataatatgac ttaactagtt ttgtcattcc atttgttaaa gatacagtca2700
ccaagaatgt tttgagtttt ttgaaagacc ccaatttaag ccttgcttat ttttaaatta2760
tttccattca gtgatgttg atgtatatca attatttagt aaataatctc aataaatttt2820
gtgctgtggc ctttgctaaa aaaaaaaaaa t

```

2851

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcggtccc actagggggt atgtttttctg ggcagccacc cggccccctt 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct 120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180

```

```

tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtggt 240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct 480
cagggtcctt tggcctacct ggagcaggca tctgccaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacattttgg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttgtt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attacccgcg ggtggtgtgt agaaaagtat gtaaatttgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatggt tccagaaaaa a 1071

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

agcttgccaa ttctgtaact ccttgggata tcttgcgtgag ctttaattgca gctgccactc 60
atgatctgga tcatccaggt gttaatcaac ctttcccttat taaaactaac cattacttgg 120
caactttata caagaatacc tcagtactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtgggct 180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga 240
cacagatagg tgctctgata ctagccacag acatcagtcg ccagaatgag tatctgtctt 300
tgtttaggtc ccatttggat agaggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt 360
tggttttaca gatggctttg aaatgtgctg atatttgtaa cccatgtcgg acgtgggaat 420
taagcaagca gtggagtga aaagtaacgg aggaattctt ccatcaagga gatatagaaa 480
aaaaatatca tttgggtgtg agtccacttt gcgactgtca cactgaatct attgccaaca 540
tccagattgg ttttatgact tacctagtgg agcctttatt tacagaatgg gccaggtttt 600
ccaatacaag gctatcccag acaatgcttg gacacgtggg gctgaataaa gccagcttga 660

```

```

agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact 720
cacagttatt acctcaggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaactg 780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg ggggtcttgag gtgagagaac ttaactcttg 840
actgccaagg tttccaagt agtgatgcca gccagcatta tttatttcca agatttcttc 900
tggttgatca tttgaaccca cttgttaatt gcaagaccgc aacatacagc aatatgaatt 960
tggctttcat gtgaaacctt gaatatgcaa agcccagcag gagagaatcc gaaaggagta1020
acaaaggaag ttttgatatg tgccacgact ttttcaaagc atctaactctt caaaacgtga1080
aacttgaatt gttcagcaac aatctcttgg aatttaacca gtctgatgca acaatgtgtal140
tcttgtaact tccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg1200
ctgcctctgg caagacaatg tttacaaatc aactctgaaa atattggttc taaattgcct1260
tggagcatga ttgtgaagga accactcaaa caaattttaa gatcaaactt tagactgcag1320
ctctttcccc ctggtttgcc ttttcttctt ttggatgcca ccaaagcctc ccatttgcta1380
tagttttatt tcatgcaactg gaaactgagc atttatcgta gagtaccgcc aagctttcac1440
tccagtgccg tttggcaatg caattttttt tagcaattag tttttaattt ggggtgggag1500
gggaagaaca ccaatgtcct agctgtatta tgattctgca gtgaagacat tgcattgtgt1560
tttactact gtacacttga cctgcacatg cgagaaaaag gtggaatgtt taaaacacca1620
taatcagctc aggggtattg ccaatctgaa ataaaagtgg gatgggagag tgtgtccttc1680
agatcaaggg tactaaagtc cctttcgtg cagtgaagtga gaggtatgtt gtgtgtgaat1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgt gcatgtgtga ctgtgcatgt tatgtttctc1800
catgtgggca aagatttgaa atgtaagctt ttatttatta ttttagaatg tgacataatg1860
agcagccaca ctcgggggag gggaagggtt gtaggtaagc tgtaacagat tgctccagtt1920
gccttaaact atgcacatag ctaagtgacc aaacttcttg ttttgatttg aaaaaagtgc1980
attgttttct tgtccctccc tttgatgaaa cgttaccctt tgacgggcct tttgatgtga2040
acagatgttt tctaggacaa actataagga ctaattttta acttcaaaca ttccactttt2100
gtaatttggt ttaaattggt ttatgtatag taagcacaac tgtaatctag ttttaagaga2160
aaccggtgct tcttttagt tcatttgtat ttcccttggt actgtaaaaag actgtttatt2220
aattgtttac agtttggtgc aacagccatt ttcttgggag aaagcttgag tgtaaagcca2280
tttgtaaaag gctttgccat actcatttta atatgtgcct gttgctgtta actttttagtg2340
aataaaaacc tatcttttca taaaaaaaaa aaaaa 2375

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct 50
cagctgctat gccgtggaaa tectgtttac ttctgcac tgctcctgca agactctgga 120
gccagtccttg aggtectaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca 180
atgattagac gaattgattc ttctgtgac tcatcagttc atttctgtga aaattcatgt 240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gcttgtagaa accactttaa tcatatccag 300
gagtttgcaa gaaacaggtg cttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg 360
tgaccggaac tgtgggctca tgcgtggggc tgtcattggt gctgtcctgg ctgtgtttgg 420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt 480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggttaaa acaggcacag aagtttacag 540
acagttttgg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat 600
tcaagttaag caaagaggtc cttatacgtc cagagttcgt tttctagcca aggaaaatgt 660
aaccaggac gctgaggaca acacagttc tttcctgcag cccaatggtg ccatcttcca 720
accttacta tcagttggaa cagaggtgta caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc 780
agctgcatcc catatctatc aaaatcaatt tgttcaaatg atcctcaatt cacttattaa 840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggctatag 900
ggatccattt ttgagtttgg ttccgtacct tgttactacc acagttggtc tgttttatcc 960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tctatttggg aaagtcactg1080
cgacatgatt aatggtacag atgcagctc atttccacct ttgtttgaga aaagccaggt1140
attgcagttc ttttcttctg atatttgcag gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac1320
atcatatggt gtgctagaca tcagcaaattg caaagaaggg agacctgtgt acatttctact1380
tctctatttt ctgtatgcaa gtctctgatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaaal440
tgaagaagaa cataggacat acctggatat tgaacctata actggattca ctttacaatt1500
tgcaaaacgg ctgcaggtca acctattggt caagccatca gaaaaaatc agtgagtcct1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggaataaca tctgggtatca acttatcttt agcttaatgt1680
caccaatcag tattaatgc ttatgactaa tttcacagat ttggaatgg ttttatgggt1740
ttatttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaal800
taattaattt ttggaattca tat 1823

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
tgaaactcct gttttccgaa gatcagcaag gcggttctct ggaacagctg ctgcagaggt 60
tctcatcaca gtttgtgagc aaaggcgact tgcagacgat gctgcgagac ctgcagctgc 120
agatcctgog gaacgtcacc caccacgttt ccgtgaccaa gcagctccca acctcagaag 180
ccgtggtgtc tgctgtgagc gaggcggggg cgtctggaat aacagaggcg caagcacgtg 240
ccatcgtgaa cagcgccctg aagctgtatt cccaagataa gaccgggatg gtggactttg 300
ctctggaatc tgggtggtggc agcatcttga gtactcgctg ttctgaaact tacgaaacca 360
aaacggcgct gatgagtctg tttgggatcc cgtctgggta cttctcgagc tccccgcgcg 420
tgggtcatcca gcttgacatt taccgccgta actgctgggc atttaaaggc tcccaggggt 480
acctgggtggt gaggtctctc atgatgatcc acccagccgc cttcactctg gagcacatcc 540
ctaagacgct gtcgcccaaca ggcaacatca gcagcgcccc caaggacttc gccgtctatg 600
gattagaaaa tgagtatcag gaagaagggc agcttctggg acagttcacg tatgatcagg 660
atggggagtc gctccagatg ttccaggccc tgaaaagacc cgacgacaca gctttccaaa 720
tagtggaaact tcggattttt tctaactggg gccatcctga gtatacctgt ctgtatcggg 780
tcagagttca tggcgaaacct gtcaagtga gacactactc attatttttg tacatttttg 840
tatatactgg gacagcgtga aacactggaa tccttcattg acgagggcac atacaatgat 900
gggacagtgc cacactcctt caataaacgt ggctgctggc cagaggacgt gagcgtgtga 960
cgggcgcctt ggcgccacct gttgggtgct cactgcctct gcaggtgcag aggggtcagc 1020
agcaggagaa gcgtgttgaa cacgtggctc tcagacactc cttgttttta acgggaagct 1080
ctttgcattt gcatttcctc aacaaaggag caaagcagag gaagctgaga gtctggcgtg 1140
ttcttgacgc tttggtcttc agccttgcac tggctcttct aaaggacttt tggagggcag 1200
ataatttcat ctgttaaate caacacacat ttctttcagg gaaaaacaat gtcaccaaatt 1260
tttcagagtt cttaaactct ttccttcaag ccggaatttt ccttttttca gcaccagtag 1320
gtactaagtc tccagatggg gaaataacta aaatgtgttt ttctgctttg ttcgctctta 1380
cttctgagga aggtttccag tcaggactcg ctgtaccaat atccatggag gaatatggga 1440
gcgtttcgct ctccttgtag gctgaagtea gtctgacttg aaggggcctg gtttggatct 1500
aagcaaacac ccagatgggg ttctctggtc tcagcaaggc ttttctgtt ggagtcaca 1560
gtaaacagaa acccaaaaat ctcatcttgg gtgttttcag ggcttgttt gagttttgct 1620
gaatagggag cgcaagacgc cctgagcctc cctctcactg gtggtgataa gaggagccgt 1680
ctggtgtgtc aggttcacga acccggtaca tttcaggacg atcctttttc cttcagcagc 1740
atctcttact ggctgtggct ggaatctgcc ttttatcaca gctgtcacca ttctcacgtg 1800
attcttgtga gactcttttt gggtataatt actatttaatt atttagacta tttactgag 1860
cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa 1920
gaattattta agttgtgttg gggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgtttt 1980
cagaaaaaga caaaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtcctcaa 2040
atacactgat gtatgaaact attcatatc caagcagcat ttttttcaat ctccttagaa 2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcataatatt acaggttaca 2160
tatataaatc aaaatttcct atataaaact gatttgggat ttgggggtgga aatattttga 2220
atattaatth atttttaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc 2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgtctc caccaaattg ataagatgct 2340
attaagaggt ttaaataaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaa
```

2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```
actaagattt tatgttggag atacttcttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgacccccag attcatggag gggcttttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaaatg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac ttaggaagt cagtgcagg tgcattgctg attgatagat attgattgtt 360
tttcagcttc tggggtcagt tttgtgggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactatct 420
caagtcaaca aactgaaaa ctgctttctg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttgtg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt tttaatcctc atatctggag tacaagggtg 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcacag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaaggttt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatgttatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcatto acaataagct 900
atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggtctgggtt tcatttccat ctccacacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgcct tatatattaa agagtaagt caataatatg aaatagcctg tacattttaal 1140
aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaa aaaaaa 1246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1950 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gggggtcgcg ggcctgattg cgccgtttcc ccgcgcagag ctgcgcggcg ccccgacggg 60
ccccggagca gcggcccccg gccggccccg cctcagcctg gagctccagc taccacatg 120
caccttacct gggttccgcc cggtcctga gtccccacaa aatggctgat ggaggaagcc 180
ccttcctagg tcggagggac tttgtctacc ctctcctaac ccgagaccct agtgcctcta 240
acggaggggg cagcccagcc aggagggaag agaagaagag aaaggccgcc aggtcaagt 300
ttgacttcca ggcgcagtc cccaaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tcacaaagga ggtggacaag aactggctgg agggagagca ccacggccgc ctgggcatct 420
tccttgctaa ttatgtggag gtgctgcccg cagatgagat ccctaagccc atcaagcccc 480
cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tggagggtga gctgtccttc cgcaaggagg agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgagggacgc atcacgggca cggggcgcca aggcatttc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa cccgggtccc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgt cagcccgtga cccagcgcc ccctcagccc 780
tgcgacgccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctcccccggt cgcattggct 840
tctccttccc caccagagg cctagacccc agaccagaa tcttggcacc cctggctcag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc cctggacct ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat aactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtg gacgatggct 1080
ggtttgtggg tgtctcccgg aggaccaga aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccgggtgt agtggtctcc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggagggagag gacccccgcc cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt cctcggacc cccctcgaag cccctggac 1320
tgattccca cccagactca caggcattcc tcccagacc ctttcatttc ctccccaccc 1380
cactcccaaa atacagagg ctgctttgaa gcggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgttt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc cccacgggg ttctctaac cagaaccagc ttctagcct cgtagagacc 1560
aaaggccgcc ccgcctgct ggggttcttc ccagacccc agcttgcctg ctgcccctct 1620
tgccttctgg cctccagctg ggtgtggggg ggcggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggcct ggcaagagct ctggcccaa ggcctcctct tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tggccctggc cctggcatat caccgcgcac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattcccc agggagactg ctgtgtgctg cccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatccct ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaaag 1920
aaaaaaatag attggggggg aggaaaaaaa

```

1950

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```
cgggggcgag ccgggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggcct gggaagggct cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttcctg catgatgctg gggagcttgg cgcctgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgcccc cgaagggtacc caaccctctg 240
ggatagatgc aggaagcgat ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtctg 300
gcttaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cctttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
actcaggttt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggt ctgagtaacc ctggttaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcac ttcccaggct ggcgaggaga aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaag ctaaatcttc cctcttaatg 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttgtaat atta 814
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 747 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtac cccggcccgc tgtcgccgcc gcccgaggcc ccgcgcgtgg 60
agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgcgc ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgtcctgccc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcggtct attacagcgc gtgcattctc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcccgagc ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgtcgctgcc gctctgctct ctcatagcgc tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc cttgcgcccg ttccacctcc caggccaccc ttctgggct 480
tctgggccac ctgccctcgg ggggcccctg cgagggtgcc tggagtcccc acgtgtcccg 540
gggcttttcc aggaagcccg agcccaggac ctgttggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gctccttttc ttgcagtgtt ttttctacaa ccagattgtt ttaatatatt 660
ttactttgcc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggagc 747

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgctggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgtcgca tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcgga tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggct gtctgcccct ggctgcgct 240
ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccggc cccggggctg ggggtgggaga 300

```

```

ccccgggctg agtgcgtgtg ctttctggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgag cgttggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttggtccc 420
tccccacggt acctggttcc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagtgt agaacagaac 480
attccataaa ggataattcc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta ttagaaaggg tcttagattg tggcaggtag gctttggagg 600
aggcgccgag acattttctga gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcgggatg gcgggagagg atgccctgga gaaccgtcct cccagtgtgg aaggcccttt 720
tccttgagga gtgggcattc tgggccagcc ggcgctggct tcgtgcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgctgctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttcagc agccctggc tctgcgcgct ctctccggg ctgtgggcat 900
gcagggaaat ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcccc gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc ccgcgcagc cccagcccca gcctgagtgc aggagtgcga ggaccgcgg 1080
gggcttttcc agctactctg ttccttcacg tctcccttc tcagcctcgt ccaagcaccg 1140
ggaagacctc caggtgacc ccttgagcac cagtgcagc aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttaccaca ggcccttcc ctgctcttcc tctctgccc 1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggc ttcctggtgt 1320
ggtgtctgga cccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggtgg ggtctgtgt 1380
ggtccttcca cgggtgtcagt ggctgaagt cctcgtctt tggggggggg gtctctcac 1440
cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggctg 1500
ggatgctctg tgacccacgc tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatctcac 1560
cctgcagtga gggaagaggc caccagggtg cagcacagcc acaccgttc ccacgtcaga 1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttcc aggagtgaal 1680
atccacctgt ctccatcttc cttgcctgcc tgggtactca tgccaagcag agactgggat 1740
taggggttct gtgctcttgc ctaattagga acattctccc atgtctctt tgtggtccca 1800
gaaggagaag tgagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgcl 1860
agcctggagc cagcccggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgtgcc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcagggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac 1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctctt gagcctttct gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtctctgca gtgggggttg 2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt ttttaagtgt 2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt atttctcac 2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt ggctgtggc 2280
agaatcgac cggcccggt cccagccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaac 2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgccct ctgctgggtg taactgcgt gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaa

```

2419

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV T GKLQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPQS 60  
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKAAVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120  
SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIP T DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180  
SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240  
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300  
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360  
PPPGCS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVGNGLG F KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQFT 60  
VS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNQ QDFIGCLNVK ATFYDTYSLQ YDLHCCGAKR 60  
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60  
PKPLVCAELA L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60  
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR120  
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF180  
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLP AEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG240  
SPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA300  
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP360  
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

KRCQRKQPLR GIGILKQAID KMQMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60  
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL120  
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD180  
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA240  
SINQKDGWVS FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG300  
SQEDDSGNKP SSYS 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSYQC PQGQVIVAVR 60  
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WEEINRAGM EWYQTCNNNG LVAGFQSRFY120  
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTTFSAYER180  
DRQWKFMCR MTEYDCEFAN V 201

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

MGNGLSSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60  
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE120  
DSEEDKKFLT GYDGIHAEL VVIDDEEEED EGAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK180  
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA240  
KLGKKVI 247

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLR EY LMS GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNAIIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLRNRK 60  
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF120  
SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYET MYMEALVKLF DKHKTKFGLP180  
ETEVLVN 188

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60  
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV120  
LPCNQSVVVG SWGLEVSVA NANVTVTIQG SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE180  
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ240  
RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPSPGFVL CLANDLGYHF 60  
SSRVRS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VP GALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSADAPSRF SPVLPPAVQL GVVREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPGK 60  
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MKGGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60  
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGS ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60  
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV120  
KGCSGTLPPN LLEDPECGR IGCLP 145

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60  
AEKKSGRRSR RQGWWTKGV RLKSGSETRF DTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL120  
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR180  
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104



SEARNAPSGT AQTFAMGFMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60  
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT120  
ISPEDIYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60  
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60  
RSLPPPLPVP QIWPLLRKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 471 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60  
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ120  
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNVDEGFGH RPHKDLWASK180  
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQKEK EDKPAETKKL240  
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS300  
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV360  
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS420  
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60  
CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60  
EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPPEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN120  
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ180  
LQDCFRLEIK AQQAPEGQPR LDQSGGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL240  
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL300  
LEGLQHNPPPL SWLVGPFALP AGGQ 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE ASKPQGTVC PPCDNEKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60  
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAHK120  
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60  
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEYFQAL AGDTVFMVLQ120  
KGQKWQPPSE QGTRH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

EACAHTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSSAATS SSASRALPAQ 60  
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RPPGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII120  
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT180  
EHVQQTFRTE IKI 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQQK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60  
REILC 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGGD 60  
SLKKHLHAEI KVIGTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF120  
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN180  
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF240  
PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVV QIYSFLKLLK 60  
K 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60  
LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENNFW120  
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP180  
PSHWMGSTVE NSNQNRELMA VHLKTLLKVQ T 211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGV L PSQQTPLI

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:



- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60  
AISINFEVYL QFGRRKVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLSEKPTAD ALMLFTTSGN QVGHDGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60  
KIPNQIKSYC FD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNH Y PPPVPFGYPN QGRKNKPYRP 60  
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60  
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFQ 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60  
DPASHAQKPV D SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF120  
PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV180  
NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE240  
WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS300  
MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI360  
QFLQIS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

MNPYISIIIVF IVFLCSENYP WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60  
FRERIQAG 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFLLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACLTG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

MPKGKAFRRT LRITSLFFSS LLLLQLLFGH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60  
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPQLPQPR 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLQT RRPILLCSPR LMKPLVVFVL 60
GGPGAGKGTQ CARIVEKYGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI120
SLLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNQD NLQGWNKTMD GKADVSVFLF FDCNNEICIE180
RCLER GKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV240
QIFDKEG                                     247
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGPLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLP180
T                                     181
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```
MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGEPVK      236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```
MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTYYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKSRS KINKTFLTNS CTIFSFLVPV DEKSGLRQAS YF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60  
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFAQ SPKELTLQKG DIVYIHKEVD120  
KNWLEGEHHG RLGIFPANYV EVLPAD EIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS180  
FRKGHEICLI RKV NENWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT240  
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR300  
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMQQ CDDGWFGVGS360  
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCRKRWLRP IFTQLLAHV LTTRSSPPFV 60  
SRFLQHQANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

GTPGPYPGPL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTF DQYLNCSTR PDAPGLPYHV 60  
ALAKLGPRAM SCPESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60  
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKG YFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR120  
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWGG AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLSRVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60

SSTCPPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP

109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60  
AEKKSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPTPTVP GLAPGCRGSA EGASCPISLA120  
NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTNPNSLC LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

GCGGGTGACG	CGACGACGGC	TCGACACTTT	GCTACGGAGT	GCATCGGACG	TCGAAGCCTA	60
GAGTCTCTGC	GTCTTTCCCT	CTTCCGCTGC	CTCATTCCCT	TCCTTCCTAG	CCTTGGTCTG	120
CGCCGCCACC	ATGAACAAGA	AGAAGAAACC	GTTCCTAGGG	ATGCCCCGCG	CCCTCGGCTA	180
CGTGCCGGGG	CTGGGCCGGG	GCGCCACTGG	CTTCACCACG	CGGTCAGACA	TTGGGCCCCG	240
CCGTGATGCA	AATGACCCTG	TGGATGATCG	CCATGCACCC	CCAGGCAAGA	GAACCGTTGG	300
GGACCAGATG	AAGAAAAATC	AGGCTGCTGA	CGATGACGAC	GAGGATCTAA	ATGACACCAA	360
TTACGATGAG	TTTAATGGCT	ATGCTGGGAG	CCTCTTCTCA	AGTGGACCCT	ACGAGAAAGA	420
TGATGAGGAA	GCAGATGCTA	TCTATGCAGC	CCTGGATAAA	AGGATGGATG	AAAGAAGAAA	480
AGAAAGACGG	GAGCAAAGGG	AGAAAGAAGA	AATAGAGAAA	TATCGTATGG	AACGCCCCAA	540
AATCCAACAG	CAGTTCTCAG	ACCTCAAGAG	GAAGTTGGCA	GAAGTCACAG	AAGAAGAGTG	600
GCTGAGCATC	CCCGAGGTTG	GCGATGCCAG	AAATAAACGT	CAGCGGAACC	CACGCTATGA	660
GAAGCTGACC	CCTGTTCCCT	ACAGTTTCTT	TGCCAAACAT	TTACAGACCG	GAGAGAACCA	720
TACCTCAGTG	GATCCCCGAC	AAACTCAATT	TGGAGGTCTT	AACACACCCT	ATCCAGGTGG	780
ACTAAACACT	CCATACCCAG	GTGGAATGAC	GCCAGGACTG	ATGACACCTG	GCACAGTGAG	840
CTGGACATGA	GGAAGATTGG	CCAAGCGAGG	AACACTCTGA	TGGACATGAG	GCTGAGCCAG	900
GTGTCTGACT	CCGTGAGTGG	ACAGACCGTC	GTTGACCCCA	AAGGCTACCT	GACGGATTTA	960
AATTCCATGA	TCCCAGACACA	CGGAGGAGAC	ATCAATGATA	TCAAGAAGGC	GCGACTGCTC	1020
CTCAAGTCTG	TTCGGGAGAC	GAACCCTCAT	CACCCGCCAG	CCTGGATTGC	ATCAGCCCCG	1080
CTGGAAGAAG	TCACTGGGAA	GCTACAAGTA	GCTCGGAACC	TTATCATGAA	GGGGACGGAG	1140
ATGTGCCCCA	AGAGTGAAGA	TGTCTGGCTG	GAAGCAGCCA	GGTTGCAGCC	TGGGGACACA	1200
GCCAAGGCCG	TGGTAGCCCA	AGCTGTCCGT	CATCTCCAC	AGTCTGTCAG	GATTTACATC	1260
AGAGCCGCAG	AGCTGGAAAC	GGACATTCTG	GCAAAGAAGC	GGGTCTTCG	GAAAGCCCTC	1320
GAGCATGTTC	CAAACTCGGT	TCGCTTGTGG	AAAGCAGCCG	TTGAGCTGGA	AGAACCTGAA	1380
GATGCTAGAA	TCATGCTGAG	CCGAGCTGTG	GAGTGTGCC	CCACCAGCGT	GGAGCTCTGG	1440
CTTGCTCTGG	CAAGGCTGGA	GACCTATGAA	AATGCCCGCA	AGGTCTTGAA	CAAGGCGCGG	1500
GAGAACATTC	CTACAGACCG	ACATATCTGG	ATCACGGCTG	CTAAGCTGGA	GGAAGCCAAT	1560
GGGAACACGC	AGATGGTGGG	GAAGATCATC	GACCGAGCCA	TCACCTCGCT	GCGGGCCAAC	1620
GGTGTGGAGA	TCAACCGTGA	GCAGTGGATC	CAGGATGCCG	AGGAATGTGA	CAGGGCTGGG	1680
AGTGTGGCCA	CCTGCCAGGC	CGTCATGCGT	GCCGTGATTG	GGATTGGGAT	TGAGGAGGAA	1740
GATCGGAAGC	ATACCTGGAT	GGAGGATGCT	GACAGTTGTG	TAGCCACAA	TGCCCTGGAG	1800
TGTGCACGAG	CCATCTACGC	CTACGCCCTG	CAGGTGTTCC	CCAGCAAGAA	GAGTGTGTGG	1860
CTGCGCGCCG	CGTACTTCGA	GAAGAACCAT	GGCACTCGGG	AGTCCCTGGA	AGCACTCCTG	1920
CAGAGGGCTG	TGGCCCACTG	CCCCAAAGCA	GAGGTGCTGT	GGCTCATGGG	CGCCAAGTCC	1980
AAGTGGCTGG	CAGGGGATGT	GCCTGCAGCA	AGGAGCATCC	TGGCCCTGGC	CTTCCAGGCC	2040
AACCCCAACA	GATGGAGATG	CTGGCTGGCA	GCCGTGAAGC	TGGAGTCCGA	GAATGATGAG	2100
TACGAGCGGG	CCCGGAGGCT	GCTGGCCAAG	GCGCGGACAG	TGCCCCCACC	GCCCGGGTGT	2160
TCATGAAGTC	TGTGAAGCTG	GAGTGGGTGC	AAGACAACAT	CAGGGCAGCC	CAAGATCTGT	2220
GCGAGGAGGC	CCTGCGGCAC	TATGAGGACT	TCCCCAAGCT	GTGGATGATG	AAGGGGCAGA	2280
TCGAGGAGCA	GAAGGAGATG	ATGGAGAAGG	CGCGGGAAGC	CTATAACCAG	GGGTTGAAGA	2340
AGTGTCCCCA	CTCCACACCC	CTGTGGCTTT	TGCTCTCTCG	GCTGGAGGAG	AAGATTGGGC	2400
AGCTTACTCG	AGCACGGGCC	ATTTTGGAAA	AGTCTCGTCT	GAAGAACCCA	AAGAACCCTG	2460
GGCTGTGGTT	GGAGTCCGTG	CGGCTGGAGT	ACCGTGCGGG	GCTGAAGAAC	ATCGCAAATA	2520
CACTCATGGC	CAAGGCGCTG	CAGGAGTGCC	CCAACTCCGG	TATCCTGTGG	TCTGAGGCCA	2580
TCTTCTCTCG	GGCAAGGCCC	CAGAGGAGGA	CCAAGAGCGT	GGATGCCCTG	AAGAAGTGTG	2640
AGCATGACCC	CGATGTGCTC	CTGGCCGTGG	CCAAGCTGTT	TTGGAGTCAG	CGGAAGATCA	2700
CCAAGGCCAG	GGAGTGGTTT	CACCGCACTG	TGAAGATTGA	CTCGGACCTG	GCGGATGCCT	2760
GGGCCTTCTT	CTACAAGTTT	GAGCTGCAGC	ATGGCACTGA	GGAGCAGCAG	GAGGAGGTGA	2820
GGAAGCGCTG	TGAGAGTGCA	GAGCCTCGGC	ATGGGGAGCT	GTGGTGCGCC	GTGTCCAAGG	2880
ACATCGCCAA	CTGGCAGAAG	AAGATCGGGG	ACATCCTTAG	GCTGGTGGCC	GGCCGCATCA	2940
AGAACACCTT	CTGATTGAGC	GGTTGCCATG	GCCGGTCTCC	GTGGGGCAGG	GTTGGGCGCG	3000
ATGTGGAAGG	GCTCTGAGCT	GTGTCTCTCT	TCATTAATAAG	TTTTTATGTC	TCGTGTCAGA	3060
AAAAAAAAGA	AAAGAAAAAA	GGGGGCGCCC	GGGGGC			3096

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1987 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
CTTTGAATTT TAGAATGTCA TGTGTTCTTT TAAAAAATT AGCTCCCAT CCTCCCTCCT 60
CACGCGCTCC CTCCCTCCTT CTCTCTCTCT CTCTCTCACA GACACACACA 120
CACACACACA CACACGCACA CGCAGTCCA CACTCACATT AAATAAAGC TTTATTTGAA 180
GCAAAGCTAG CCAAATTTCT ACGTTACTTT TCCCTTGACT GGATCCCAAG TAGCTTGGAA 240
GTTTTGTGTC CCAGGAGAGT AAATAACTGT GAACAAGAGG CTCTGCCCTT AGGTCTTTGT 300
GGCTGTTTAA GTCACCAACA ATAGAGTCAG GGTAAAGAAT AAAACACTT TCATAGCCTC 360
ATTCATTCAC TTAGAAGTGG TAATAATTTT TCCCTAATGA TACCACTTTT CTTTTCCCCC 420
TGTACCTATG GGACTTCCAG AAAGAAGTTA AATTGAGTAA AATCATCAGA AACTGAATCC 480
ATGTAAGAAA AAATAATTGT TGAAGAAAGA AGTTGATAGA ATTCAAAAAG GCCATCTTTT 540
TGCTTTCACA TCAATAAAAT TTACCAAGTA ATAGATCAGT ACTCACTAAT ATTTTGTAGA 600
CCATAGTTGT CTGGTCAGAA AAATTATATT AAATTAGTAA ATTCTAGAAG CTCTTTAAAA 660
GGGAAGTTTT CTTTCTTCTC CAATTATAGG AGTTGATTTT TACTTTGCAA AGTGGCTCGG 720
TCCTCATGAG CATCTGCATG TTGACTCTTC AGTTAAGAAA ATTGTTGTTC ATTTAGGGAG 780
GTGGATATTC TGATGAAGAT CTTTATCCTA AACCTTCCTA CTATCCTTGT CTTATTCATC 840
AAGCAGATAT TTTAGTCAAG AATTCCAGAG AAGGCTGCTC CTAAAATGTC TACTTGACAG 900
CCAATACCAG AGCATAAACT ATCCATTCTG GGGTCTGGCT TTAGAAATCA TCTTTGTGGG 960
AAGACCTAAT TCTTCACAGC AAGGATCTCA GGCATGCCTT CTAGATTTGT TCCCTCTGAG 1020
GGGCAGGAAT GAAGTGTAGA AATGTTTTAA GGACCCAGAA ACCCCATATG TCTCATTCCA 1080
TGACTATAGG TGAGAGAATT CTTTCCTAAG AGGGTTTGAT ACCAATAGGG GAAAATGTAA 1140
AATGTTTCAGT CTTTATGACA ACCTGGCATA AAGGAGTCAA TTCTTATGAA AGAGACACAA 1200
GGGCCTTATG GCCAGGGTTT CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC 1260
CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGGAAGAAA 1320
GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT 1380
CCATAATGTG GAGACTAGTA ACTAGATCTT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG 1440
ATTCATCCCA AAGCCTTCCC ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG 1500
CAGAGAGTTT CCCTAGATAT ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG 1560
CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTT 1620
```

```

GTGTTGTGTA GAGAATAGGA CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA1680
AGAATGGATG TGGTCTTCT TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG1740
ACCATAAGCA TCATTTAGCA GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG1800
AGTAACATAA CAGTATTACC CTTTCACTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC1860
TTATTTATGT AGTCACTGTA TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA1920
AATCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGTCGACC GGCAGCGAAT TTAGTAGTAG TAGTAGTAGT1980
AGTAGGC

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1107 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```

GGGCCGGGCA GCCCAGCTGA AGGCAATAAG CTGGGCTCAC CGCTGCAGCA GAGTTCTGTG 60
CTAGCCGGGC ATAGGGGCGA GAGAAGGCCC AGAGGCGACG TCAGAGAGAA GCAACTGCGC 120
CCCGGTGAAG AGAAGCTCGC CCATCACCGG CTGGGAGCCA GCTTTCAGTG AAGATGGCAG 180
GGCCAGAACT GTTGCTTGAC TCCAACATCT GCCTCTGGGT GGTCTTACCC ATCGTTATCA 240
CTCTTCGTAG ACATGATCCG CCACTACGTG TCCATCCTGC TGGAGAGCGA CAAGAAGCTC 300
ACCCAGGAAC AAGTATCTGA CAGGGGACGA GGCACCCACA GTCCCTCTCC CATAAGCCTG 360
CCAAGAAGAT TGATGTGGCC CGTGTAACGT TTGATCTGTA CAAGCTGAAC CCACAGGACT 420
TCATTGGCTG CCTGAACGTG AAGGCGACTT TTTATGATAC ATACTCCCTT TCCTATGATC 480
TGCCTGCTG TGGGGCCAAG CGCATCATGA AGGAAGCTTT CCGCTGGGCC CTCTTCAGCA 540
TGCAGGCCAC AGGCCACGTA CTGCTTGCCA CCTCCTGTGA CCTGCAGCAG CTCTTCGATG 600
CTACGGAGGA AGGGCAGCCC CCAAGGGGCA AGGCCTCATC CCTTATCCCG ACCTGTCTGA 660
AGATACTGCA GTGAAAGCCC AAGTCCTTGG AAGCTTTCCC CAGTGAAGGA CTGACTGGGG 720
GCCTCACGCT TAACTGGTAG TGCCCAACAAG CCTGGCAGCT GTAGAGCCGC GAACCTCCCC 780
ACACCTCCCT CACCGCGCAG GACCCTGAGT GAGGAGGAGG AGCTGGAAAC CTGGGGTGGG 840
TTGGCCAAAG GAGAACCTCA AGCTCCTGGC CTGATCCAGC TCCTTCTGTC CCAAGGCAGC 900
TTAGCCCATC CAGACTGGTC CTGAAGTCTG TCCCTCCATT GGCATGAAGT CTGCCCCCTTA 960
GGAATCCGGC CTCGCAGGCT GTACTTTCAT GGTGCTCTCT ACCTTCTGGC CCCCATCCCG1020
GAACATTCTT GAGTGAATTC GCAAGCGCAC TAGCATGTGA TATTAGGGAG TTTGCAATAA1080

```

ATTATTGAGG CTGATGTAAA AAAAAA

1107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
GTGAATATGT GTGTATATGT GTGTGTATGT GTGTGTGGGG TTTGGGGTAG AAGGGAGGGA 60
GGGGGCAGGA CAGTGTGGAA TCTCTAGGGT GTATGGGTAG GTAGGGGGCA CAGTTAGTTC 120
TAAGTGGGCT TTTATGCTAA AAGCCTCTGG GGATATCTGT TTTGAAAATA AAGATAGGTG 180
TCCCCTCCTT GCTGTCATCT AGCCCAGACA CTCTGCTTGC TCTCTGGCTG TCTGCTCCCT 240
GGGAAGGCTT TAGGAGGACC ACCCAGGACA GGATGACCAT GCTGCCATCT GCTCTGGAGC 300
TGGGTCTCAG TGCAGAGGGA CAGTGAAGT GGATGGTTGC AGTCTCTGGT GGGAGGTGAG 360
GATAGAAGTG ATAAAGAGCT AAGAGGAGCT TCTGGGAGCC TTGGAGGAGG TCAGTCTTGC 420
AGTGGTGAAG CCAGGACATA GGAGATGGAG CAGGGCTGTG AGAGGAGGAG ATTCTGAGGA 480
GGATGCAGGG GAAATCTTGT CTGTTAATGA AATAGGGGTG GGGTGGGGTT TGGGGTGGGG 540
TGGTCATTGC CGTTTGAGCT GCTGATTTTC ATGAGTCGCC TTCAAACTC TCGTGTAGGG 600
TTGACAATGT GGGGGGGTGG GGGATCCAGC TTATCTTTT ATTTTCAAGT CCATTCTTGG 660
GGCTGGTGGG GAGGCAGGAG AATACCCCTC CCTAAGCCCT TAGTGTGTGC CGAGCTTGCT 720
TTGTGATGTT GGCAGGGGAG GGGAGACCTG GGTGGTGACT GAGTTCCTT TATCAAACCC 780
TTCAATGGGC ACAAAATTGA GTGCTTGATT TTAGGTTTTA TTTTTTTATG AATGTCCAAA 840
TCTGTGTTTC CCCCTGCCCT CCCAGACTGT GTGGCCAGTT GAAAGTGTCT GGTGTTGTGT 900
CATCTCTCCC TCATTTCTGG AGCAGGGCCT GAGACCCTGC CACATCTCCT ATGCTCTGCA 960
TCCACGCCCT TTTTGGACAT TAAAGGTTGA TTGATGCAAA AAAAAAATAC AACGGGGTGG1020
CTTGGGGAAG CCTGGGGTTG GCCGGCTTAT GGGGTTGCGG CG 1062
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 2770 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
CTACTATGGA TAATTTCAAA GTAGAATCAC TCTATGCTTA GAGTTTTGGC ACCAATGCTG 60
TAGGGCAGCA GAATCTATTC TCAGTAAAAT AACTTATGGT TTATTAGATA TTCTGTATTG 120
GATTTTACCA GCTTGACTTT TACTGCTCAG ATGCTTTCTT TCCCCCCTT AGACGCTGTA 180
ATTCTCTTGG GAAGAGTAAC TATTCTTAAG GTTTTTACAG ATACCCACCT TAGTTGTAAA 240
TTGGATAGTT TATATTTCTG GGACTTTTTA AATGAAAATG TGGAATGTTA AGTTACAAAA 300
GACTTTTCAT CAGAAAATTT CAAACAAAGT AAACATGGCG TTTTATAGTC CTCTAAAATC 360
TAGGTGCTCC CACCCACCAA AGGCATATCC TGCAAAGGGC TGTGAACAT CTGCGTGAAC 420
TGTCTTGGGT CCCCTTTCCA TGTATGTTTT CTTGTCACTG AAAACAAACA ACGCTGAGTT 480
TATCAAGAAA ATTTAAATTT GGGGATCATA ATAATTCCAA CCAAGTGACA ACTCTGACAT 540
CAAGGTTATT AGGAGCTGTA CATCCAATTC AAGTTTTATT TGCTGCTATT CTGGGAGAAT 600
AAACTTGTAT ATGGAGAATA AACTAATAAA CTGTATCGA GGAAATCCAT AAAGTTATAA 660
ATTAGCCTGA AAAATATTTT AGGTAATGGT GTGGATTGGC CTGCTTTGAC TCTCAGCCAC 720
CAACAGAAAT CTTGTCCACC TTTGTTCCCT AGCTAAAAGT AATTTTGTTA TAAACACAAA 780
GTGACTTTAA ACAGGTAAAA AACCCATTCC TATTTTGTAT CATTACCAAA AGTTTTTCAT 840
ATACCTACAG AGCTAACTAA TTACAACCTGA TTTAATCCAC TCAAGTTTAG ACCAGTTAAA 900
CCCATAGGAT CCTGTATGGT TATCAATGTG ATGCCTTGCT TTTCATAAAA TAGGTATAAT 960
TGGGTCATAC ACTTGACGAG AGGGTGACTG TTTCTAGGGG AAGAAAACCC TTTAGATTGC1020
AGGTAACCTT CACTTTTTTT TTTTAAATA TACACTTTAC ATTTGTATAA ATTATGCAGG1080
GTACTCCTAA CCCTGTAGAA ATGTATGACC TCTCACAAG TTGAGATTTG ATCCAAAGAG1140
AAATGCAAGT ATAAAAAGAA TAGATACCTT ATTATCTTTT AAGGTTTTTT TTTTTTTTTG1200
GTAGAGATGG GGGTCTCACT GTGTTGCCCA GGCTGGTCTC AAATCCTGG CCACAAGTGA1260
TCTTCCTGCC TCAGCCTCCC AAAATGCTGA GATTACAGGC ATGAGCCACT GTACCCAGCC1320
TTTCCTTATA AAATTCAAAG AGAAAATTTT TACACCTTTA TCCCTCAAAT AAAACAAGTG1380
CTCAGTTCTT ACCGTGCCCT TGCAAGGTCT ATATGTAAAA GAAATCTGAA ATTTAGCTGT1440
AGAATAAAAC TTGATAAATA AAAAGAAAAA ACATACATTT CTCCAGTTGG TTGCTCTTT1500
GCTTGTTGAA GTAATAAACG GTTTTAAAGA GAAAATACTT GCTGTAAACC CCCAGTGCCT1560
TCAACTCTTT TGGCAGAATA TTTTAAAGA AATCCAGCAA GCAAACCTTG AGGTGCTAAT1620
GAAAGTAAAG GAAGGTGGTA TTTCTAGTTT TGGCAGAAAT GAAAAGTGTC TCACAAGAGA1680
CATCACTACC CACGTGGGGT CTGGCTGCTT TCTACCAAAG ACATTTAGAG AAGAAGTGAA1740
TTGAGTCAGG GTGATGGTGA AACTACATA TTTTATAGAT GGTAAAGTTG AGAATTAATT1800
```

```

ATGTTTATCA TGGATGGCTA CTAATACCAA GCTCATGATT GTTGCAGCCT CAACGTCTTA1860
GGCAGTAAAA CTTGTCTGCA GCACTAAAGG GGGAGAAACC CTTATATTTT GCAAAGTGT1920
CATTCGTAA ATTTATTGTA ACCTAATACC AAAAAGTGGC GTTTTTCATA TTATTTCCCC1980
ACCTCCTACT TTTTGTGTT TTTTGTGCTA CTTGTAAAAT AACCCCTTCT AGAAAATAAG2040
CATTAAGTGG AATGTTTCAA ACAATTTTGC TTCATTTTAC TATCAGCCAC TAGTGAAGT2100
TTACAGAGAT GTACATTTAA GATAAAATTA GCTTGTGCTA AGTGTTTTAA AACATTGTT2160
TACTGTTAAA GGGGAATTGC ACATTATATT TAACTGGGAT TGCTCCCTCC CTCAGTTCTT2220
TAAAAAACAA GAGTCAAGGC TCACACCAAC TTGTAGGCTG TGGGAGCTTT GCCATAGGTA2280
GATACAATGT AGAAGTATAC TTTTAAAG CATGAAGAAG ACAAGGAAG TCATTATAAT2340
GTACCAGGTA GAGGACATTA TTATTCAAAG GATTATGCAC AGCTCAGTGA AGATGAAGTT2400
ACAAATTTTC TCGCAGCTTT GTTGCTATTA TTTCTTCTG CATAAATGTA TGCTCATTT2460
ATTATGTGCC TTGCTCCCTG ATTGTGCAAA GCTATATATA TATATATATA TATAGATAGA2520
TAGATAGATA GATATATGAG AGAGATATAT TCAGTACTAC TGAGGATGTT TTTCTGAGGA2580
TGTTTTGTT CTGCTGGATT AAGTTATTTT CCAAGTTACT CTTGCCAGTT ATGTCAGTAA2640
ACTATTGTAA TGGCTTAGCA CACTAGTCGT ACAGTCAGTG TAAATGTTTT TCATTTACAT2700
GTTTTCATTA TATCAGCTTA TCAAATCCTT AATAAAAAAA ATTCATAGAT TTCATTTAAA2760
CAAAAAAAA
2770

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```

GGCCATTGAC CCTAGAGGTG AAACCGAAGC TCTGATGGAC TCTCACAGCT GGAGATGAAA 60
ATACGAGTTA TACACGGAGA ATGCAACCAC TGAGAAAACG GAACCGAATA GTCAAGAGGA 120
CAAGAATGAT GGTGGAAAAT CAAGAAAAGG GAATATAGAA CTTGCCTCAT CAGAACCACA 180
GCATTTTACA ACAACTGTGA CTCGATGCAG CCCGACCGTG GCCTTTGTGG AATTTCCTC 240
CAGCCCCCAG CTGAAGAATG ATGTGTCGGA AGAAAAAGAC CAGAAGAAAC CAGAAAATGA 300
AATGAGTGGA AAGGTGGAGT TGGTGCTGTC ACAAAGGTG GTAAAGCCAA AATCTCCAGA 360
ACCGAAGCA ACGCTGACAT TTCCATTCTT GGACAAAATG CCTGAAGCCA ACCAACTACA 420
TTTGCCAAAT CTCAATTCTC AAGTGGATTG TCCAAGCAGT GAGAAGTCAC CTGTTATGAC 480
ACCTTTTAAG TTCTGGGCAT GGGACCCAGA AGAGGAGCGC AGGCGACAGG AAAAATGGCA 540

```

ACAGGAACAG GAACGTTTGC TCCAGGAGAG ATACCAGAAG GAGCAGGACA AGCTGAAAGA 600  
AGAGTGGGAA AAGGCCCAAA AGGAGGTGGA AGAGGAAGAA CGCAGATACT ATGAGGAGGA 650  
GCGTAAGATA ATTGAAGACA CTGTGGTTCC ATTTACTGTT TCTTCAAGTT CCGCTGACCA 720  
GCTGTCTACC TCTTCCTCCA TGAAGTGAAG CAGTGGGACA ATGAATAAGA TAGACCTGGG 780  
AAACTGTCAA GATGAAAAAC AAGACAGAAG ATGGAAGAAA TCATTCCAGG GAGATGACAG 840  
TGACTTATTG CTGAAGACTA GGGAAAGTGA TCGACTGGAG GAGAAGGGCA GCCTAACTGA 900  
AGGGGCCCTG GCTCATTCTG GGAACCCTGT ATCAAAAGGA GTCCATGAAG ACCATCAGCT 960  
GGATACCGAG GCTGGGGCCC CACACTGTGG AACAAACCCA CAGCTTGCTC AGGATCCATC1020  
CCAGAAATCAG CAGACATCAA ATCCAACGCA CAGTTCAGAA GATGTGAAGC CAAAAACCT1080  
CCCGCTGGAT AAAAGCATTG ACCATCAGAT CGAGTCTCCC AGTGAAAGGC GGAAGTCTAT1140  
AAGTGGAAAG AAGCTGTGCT CTTCTGTGG GCTTCCTTTG GGTAAAGGAG CTGCAATGAT1200  
CATCGAGACC CTCAATCTCT ATTTTCACAT CCAGTGTTC AGGTGTGGAA TTTGTAAAGG1260  
CCAGCTTGA GATGCAGTGA GTGGGACGGA TGTTAGGATT CGAAATGGTC TCCTGAACTG1320  
TAATGATTG TACATGCGAT CCAGAAGTGC CGGGCAGCCT ACAACATTGT GACACGGCT1380  
TCAAGCTTCC GGATCACTCA CCATTTCTTT ACTGAGAGTG TCCCCTGGCA ACTGCTTAAC1440  
AAAATCCCAA GCTCAGGGGC TTCTCAGCAT TTACCTAATT TCTGAAAGGC TCTTCTGAAA1500  
GGTGGTATCT GTTCTTTCTG AGCACAGTGT TTATGTTTTT CCTGTTTATT GTTTTGGGT1560  
TTTGTTTTTT TTTTTCATT TGCACAGTAT ACACAAAAGA ATATGGGGTT GTAATGATCC1620  
TGAATAGCTC AAAAAAGGTT TTAGCATGGT CAAACAGGCT TATGGTTTAA AATGTGTTAT1680  
TCTCTCTTTT GGAATTAGC TAAATGATGC AATAAACCTG TTTTGTTTTA GAATGTCTAG1740  
GAATTAACA CTTTATGTTT ACAGAATTGA GCTGCAGAAA GTGCAAGACA TGCCAATTTG1800  
AGACACACGG TCTTCTAAGA CTGAAGGATA AATTTAATGC ATTTTCAGAA CTAAACATCA1860  
CAGCAAGCTC TATCTCTGAG CTATAATTTG TTTTAAATGC AAAGACACTA GTTTGATAAT1920  
ATATACTGTA ATCCTGAAAC ATTTGTGTTA CTTACCTTTG GAGGTAGAAA TTATACCAAT1980  
AAATTATTGC ACCGTTAGTA TTAGATTCTG TGTACCTTGG AAGTTATGTC ATTAATATAG2040  
GCTGGTTCAT CAAATAAAGC AAAACCTTGC AATATCAGCT AGATTTACAC TCCGGGACGT2100  
TGCCCAAAGG TAGGAAGAAA GCAGAGGGAA ATATTTTCAGT CATCATTTCC AAAGTCATTA2160  
TCAAAATCTG TGAGGAAGTT TAATCTTCCA AAGAGTCAAT GTCAGACATC AGGCCTCTGT2220  
TGCCTGCTTC TCTCGAGGCA CTAGATTAGG AGTCTTCAAT AAGAGACTTA ACATGAGGTA2280  
TATGGAAGAT GAGGCACCGA GATAAGTTCA TCATTAGGTG TGAGCACTGC TCACCCTTGC2340  
TGGCAAGTTC TCCTTAAGGG CCTGAAGCAC AGGTGTCCAA AGAAAAGCGT TAAGTCCATC2400  
TTAATAGAAT CTATGTGGTA TATGATGTGG TCAGCCCCTG GTCTGTGATC AGCAAGAACC2460  
TACAGCACAG ATTATGCCCT GCCCACTTCA ATGAATACCT ACTCTCCTCC ATTCTCCATC2520  
ACTTTTTTTC CTATCAAGAA CTCCGGACCT TGCCCATGGA GAAGTTTAGA GAGGAACCT2580  
TGTGGAGAGC TGGTTTATTT TCTGCCCTGT GCGACGAGT TCAGCTGGCC AAGAAAGGAG2640  
TCAAGTTATT AAAAAGCATC ACAATGTAGA TCTCCAGGCT GGTTTTTTGT TTTTGTGT2700  
TAAGACTGGG GAAAGGGGGA CTATTTATTC TGCCTTAAAT CAATGGCAAA TAAGTCAAGA2760  
TGACATTTTG TGAATGTAGA CTATGGATAC ACTCCTAATA GATTGATGTA GTCATAAAAG2820  
GGGGTCAAGT AGATGTTTTT CTGTTATGTA AGCAATAATT TTTCCGTGTC TTATTGAGTA2880  
TGGCTAGCGA TTATTTATTA CATGCTAGAT GGGTCTTTG CATGTGGGTT CCATATAGGT2940  
GCAGAAATTT CCTCAGCCAC TGGAGGGATT TCGACCATAT TTGTCATTTG GATGAGCTGT3000  
TATTAGATTG AAATCTACAC ATCATTTTCAT TAAAAATTGT GCCTTAGAAA ACGCAAAGCT3060  
GTTGCACATG GCGATAAATT ATGGATGCAG TACATTGAAG AGAGATGAAG TCACTCCAA3120  
GTTTCCAAGA CTTCTCATGG AGGTGTTTGC TGTTTACAG GAAAAAATAA AAATAAAAAA3180  
AGAAAAAAA GAGAAAAAAT TAAATTCAAA AATGTTTTG AAAATGTACA GATCAAGTCC3240  
AATATTTTGA TTATCCACCT GCATGTTTTA TTAAATATTT TGATAATGTG GATGTTTACA3300  
CTTTGCATGA TATTAGCAGA GTACCACTAG TAATGCACAA ACATGTACAA TATGGTCATT3360  
CATAACCGAT TTTTATAGAA TACTTTTTTAC ATGTGCAACT CCATCCGTTA TGTAAGGATT3420  
ACATGAATAT TGCACATTCC CTTCTGGTTT CACAAACCCA TTTATACATA TTTCTTAGTG3480  
AGGCTCATTG TACATGTATT GAAGCTAGAA TCGAGTCAAG AAAAATAAAG CCCCATTCTC3540  
CAACTGCAAA ATGTGCTTTC CCATAATGAA CACTAGTCAC CAGCACAGAA TAATCTCAA3600  
CATTTTCTAA ATTCTAATTG CCAACTGTTT CTATTTATAT TTGATTTATA TTTTATTGG3660  
AGTCTGTTAC ATGGCAGCTT AGGCAGACTA GATCTTGTTC TTTCCAATGC AGCATAATGA3720  
GTATGATCTA TTTCTTTTCA AATAATCTTT GAGATCCCAG GAAAAAATAA ATGCTCTGCT3780  
CCATTGAGCT ATAATGTAAA TGTGTTTGT TAAAAAACAG GTGAGGCAAG TGAGTGATT3840  
ATTGTTCTCG AGGAAGTATA TCTGATTTT TTTCTCATAC TCCAAAAGCT AGTCCCTACT3900  
CTTTAATAAA AATAATGGGT AACTTTTTGT TTTTCACTAG CGAACTTCCA TGACATTTCC3960

```

TTTCTATGTA GTGTGATTAA TGCAATACAT ATTATAGTTA TCTATACACA GTGTAAGATT4020
TAACAAACTG AAATGATCCA CCTCATATGT GAGTCCGTCC AAAAGATGTT ACTGCTCTGG4080
GTGGGCCAGT GTTCTATATC SGTATACTA ACTTTCATTT AAAGTATTTA TTCTAAAATG4140
CCTCTGAGAA ACAGTAAAAA ATAAAAACAA CAAGTTGTCT AAAATGCAAC AGCTTTTATA4200
GTAAATGTAC ATTTATAAAT AAAATACTCA AATCAAAAAA AA

```

4242

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```

CTAGCAAGCA GGTAAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA ACACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180
GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTC 240
AAACTTGTC A TCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
CCCCGTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAAACT AAAGCACCAG CATTTGAAGA AAAAGGCCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
ACCAGATCCA GGTCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAAACTC1260

```

```

TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAA31320
CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAACAA1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCACATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGAATCCTTC1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAACCTAAGAA GCATTTGCAA2220
ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAAGC2340
TGGGGAAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTCAGTGG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1558 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```

GCGAGGAGCT GGCACGCAGC CAGGGCCTTT GCTCAAGAAG CCATACCAGC CAAGAATTAA 60
AATCTCTAAA ACATCAGTGG ATGGTGATCC CCACTTTGTT GTGGATTTC CCCTGAGCAG 120
ACTCACCGTG TGCTTCAACA TTGATGGGCA GCCCGGGGAC ATCCTCAGGC TGGTCTCTGA 180

```

```

TCACAGGGAC TCTGGTGTCA CAGTGAACGG AGAGTTAATT GGGGCACCCG CCCCTCCAAA 240
TGGCCACAAG AAACAGCGCA CTTACTTGCG CACTATCACC ATCCTCATCA ACAAGCCAGA 300
GAGATCTTAT CTCGAGATCA CACCGAGCAG AGTCATCTTG GATGGTGGGG ACAGACTGGT 360
GCTCCCCCTGC AACCAGAGTG TGGTGGTGGG GAGCTGGGGG CTGGAGGTGT CCGTGTCTGC 420
CAACGCCAAT GTCACCGTCA CCATCCAGGG CTCCATAGCC TTTGTCATCC TCATCCACCT 480
CTACAAAAAG CCGGCGCCCT TCCAGCGACA CCACCTGGGT TTCTACATTG CCAACAGCGA 540
GGGCCTTTCC AGCAACTGCC ACGGACTGCT GGGTCAGTTC CTGAATCAGG ATGCCAGACT 600
CACAGAAGAC CCTGCAGGGC CCAGCCAGAA CCTCACTCAC CCTCTGCTCC TTCAGGTGGG 660
AGAGGGGCCCT GAGGCCGTCC TAACAGTGAA AGGCCACCAA GTCCAGTGG TCTGGAAGCA 720
AAGGAAGATT TACAACGGGG AAGAGCAGAT AGACTGCTGG TTTGCCAGGA ACAATGCCGC 780
CAAAGTGATT GACGGGGAGT ACAAGGATTA CCTGGCATCC CATCCATTG ACACAGGGAT 840
GACACTTGGC CAGGGAATGT CCAGGGAGCT CTGAAGCTGG CAGCCTTAAA GATGCAAGTG 900
CATGAAGGAC AGTGATGTGG GGAGGCCGTG GGGCAGCTCT TTTATGGCT TGTACACGCC 960
TCAGCTCCTG GCAATTAGCT GGAATCCATG ACCCACCCTT GGTGCAGCAT AGATCCGACG1020
TCTGTCTGGG GCAAGGGTAG GGGTGGGTAG GGGCGGGAAG CCTGAGTGCA AATGTCATT1080
CCCTCTACTG CCTCTTCTG CCTCTCCCA CCCTGCCCAC ATCCACAGAG GGGAGAGAAG1140
GGTCATAGCT AAATGCAACA AAGTCTGTAT CTTGTCCCA CCTGCTTTTC TGTTCTGTTA1200
GCATATCATA AAGTAAGCCT TTCTGGTGAA GGAAGGTGTC TATGAACTT TTTTCTTGG1260
TGGAAATGGC CAAGTTTAGG CACTCTGCTT TTTGCCTTAC ACTAATGCTT AGAAAGCTGT1320
CTTTTCAGTG GTGTTGCAGC CCCCAGATGT GTGGCCAACC TCTGCTGCAA AGGAATCTCT1380
TGCTGAGTCC AGGCCACCAA TCAGGCAAT AGCCCATACA TTTGATCGTT GTAAACCATG1440
AAGTCTTTTC TTGCAAGACG TTTTCTTCT GCTGTGGTAT CTTGCCCTTA AAAATTAGTT1500
TTCATTAAAA AGAAATTGA TTGAAAATAA AAAACCGGAA TGGAAAAAAA ATTGTTTT 1558

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1388 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

```

CGGGGTTTAC TGTGTTGGCC AGGCTGGTCT CGAACTCCTG ACCTCATGAT CTGCCCCGCT 60
CAGCCTCCCA AAGTGCTGGG ATTACAAGTG TGAGCCACCA CACCTGGCCT GGAAGGAACC 120
TCTTAAAATC AGTTTACGTC TTGTATTTTG TTCTGTGATG GAGGACACTG GAGAGAGTTG 180

```

```

CTATTCCAGT CAATCATGTC GAGTCACTGG ACTCTGAAAA TCCTATTGGT TCCTTTATTT 240
TATTTGAGTT TAGAGTTCCC TTCTGGGTTT GTATTATGTC TGGCAAATGA CCTGGGTTAT 300
CACTTTTCCT CCAGGGTTAG ATCATAGATC TTGGAAACTC CTTAGAGAGC ATTTTGCTCC 360
TACCAAGGAT CAGATACTGG AGCCCCACAT AATAGATTTC ATTTCACTCT AGCCTACATA 420
GAGCTTTCTG TTGCTGTCTC TTGCCATGCA CTTGTGCGGT GATTACACAC TTGACAGTAC 480
CAGGAGACAA ATGACTTACA GATCCCCCGA CATGCCTCTT CCCCTTGGCA AGCTCAGTTG 540
CCCTGATAGT AGCACGTTTC TGTTTCTGAT GTACCTTTTT TCTCTTCTTC TTTGCATCAG 600
CCAATTCCCA GAATTTCCCC AGGCAATTTG TAGAGGACCT TTTTGGGGTC CTATATGAGC 660
CATGTCCTCA AAGCTTTTAA ACCTCCTTGC TCTCCTACAA TATTCAGTAC ATGACCACTG 720
TCATCCTAGA AGGCTTCTGA AAAGAGGGGC AAGAGCCACT CTGCGCCACA AAGGTTGGGT 780
CCATCTTCTC TCCGAGGTTG TGAAGTTTTT CAAATTGTAC TAATAGGCTG GGGCCCTGAC 840
TTGGCTGTGG GCTTTGGGAG GGGTAAGCTG CTTTCTAGAT CTCTCCCAGT GAGGCATGGA 900
GGTGTTCCTG AATTTTGTCT ACCTCACAGG GATGTTGTGA GGCTTGAAAA GGTCAAAAAA 960
TGATGGCCCC TTGAGCTCTT TGTAAGAAAG GTAGATGAAA TATCGGATGT AATCTGAAAA1020
AAAGATAAAA TGTGACTTCC CCTGCTCTGT GCAGCAGTCG GGCTGGATGC TCTGTGGCCT1080
TTCTTGGGTC CTCATGCCAC CCCACAGCTC CAGGAACCTT GAAGCCAATC TGGGGGACTT1140
TCAGATGTTT GACAAAGAGG TACCAGGCAA ACTTCCTGCT ACACATGCCC TGAATGAATT1200
GCTAAATTTT AAAGGAAATG GACCCTGCTT TTAAGGATGT ACAAAGTAT GTCTGCATCG1260
ATGTCTGTAC TGTAATTTT TAATTTATCA CTGTACAAAG AAAACCCCTT GCTATTTAAT1320
TTTGTATTAA AGGAAAATAA AGTTTTGTTT GTTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1380
AAAAAAA

```

1388

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

```

GTCCCTGGCG CCCTGCCTTT AGCCGTGGGG CCCCCACCTC CACCCTCTGG GTTTCCTAGG 60
AATGTCCAGC CTCGGAGACC TTCACAAAGC CTTGGGAGGG TGATGAGTGC TGGTCCTGAC 120

```

```

AAGAGGCCGC TGGGGACACT GTGCTGTTTT GTTTCGTTTT TGTGATCTCC CGGCACGTTT 180
GGAGCTGGGA AGACCACACT GGTGGCAGAA TCCTAAAATT AAAGGAGGCA GGCTCCTAGT 240
TGCTGAAAGT TAAGGAATGT GTAAAACCTC CACGTGACTG TTTGGTGCAT CTTGACCTGG 300
GAAGACGCCT CATGGGAACG AACTTGGACA GGTGTTGGGT TGAGGCCTCT TCTGCAGGAA 360
GTCCCTGAGC TGAGACGCAA GTTGGCTGGG TGGTCCACAC CCTGGCTCTC CTGCAGGTCC 420
ACACACCTTC CAGGCCTGTG GCCTGCCTCC AAAGATGTGC AAGGGCAGGC TGGCTGCACG 480
GGGAGAGGGA AGTATTTTGC CGAAATATGA GAACTGGGGC CTCCTGCTCC CAGGGAGCTC 540
CAGGGCCCTT CTCTCCTCCC ACCTGGACTT GGGGGGAACT GAGAAACACT TTCCTGGAGC 600
TGCTGGCTTT TGCACTTTTT TGATGGCAGA AGTGTGACCT GAGAGTCCCA CCTTCTCTTC 660
AGGAACGTAG ATGTCGGGGT GTCTTGCCCT GGGGGGCTTG GAACCTCTGA AGGTGGGGAG 720
CGGAACACCT GGCATCCTTC CCCAGCACTT GCATTACCGT CCCTGCTCTT CCCAGGTGGG 780
GACAGTGGCC CAAGCAAGGC CTCACTCGCA GCCACTTCTT CAAGAGCTGC CTGCACACTG 840
TCTTGGAGCA TCTGCCTTGT GCCTGGCACT CTGCCGGTGC CTTGGGAAGG TCGGAAGAGT 900
GGACTTTTGT CTGGCCTTCC CTTTATGGCG TCTATGACAC TTTTGTGGTG ATGGAAGAG 960
TGGGACCTGT CGTCTCAGCC TGTGTTTTC TCCTCATTGC CTCAAACCTT GGGGTAGGTG1020
GGACGGGGGG TCTCGTGCCC AGATGAAACC ATTTGGAAC TCGGCAGCAG AGTTTGTCCA1080
AATGACCCTT TTCAGGATGT CTCAAAGCTT GTGCCAAAG TCACTTTTCT TTCCTGCCTT1140
CTGCTGTGAG CCCTGAGATC CTCCTCCCAG CTCAAGGGAC AGGTCTTGGG TGAGGGTGGG1200
AGATTTAGAC ACCTGAAACT GGGCGTGGAG AGAAGAGCCG TTGCTGTTTG TTTTGTGGGA1260
AGAGCTTTTA AAGAATGCAT GTTTTTTTCC TGGTTGGAAT TGAGTAGGAA CTGAGGCTGT1320
GCTTCAGGTA TGGTACAATC AAGTGGGGGA TTTTCATGCT GAACCATTCA AGCCCTCCCC1380
GCCCCGTTGA CCCACTTTGG CTGGCGTCTG CTGGAGAGGA TGTCTCTGTC CGCATTTCCCG1440
TGCAGCTCCA GGCTCGCGCA GTTTTCTCTC TCTCCCTGGA TGTGAGTCT CATCAGAATA1500
TGTGGTAGG GGTGGACGT GCACGGGTGC ATGATTGTGC TTAAGTTGGT TGTATTTTTC1560
GATTTGACAT GGAAGGCCTG TTGCTTTGCT CTTGAGAATA GTTCTCGTG TCCCCCTCGC1620
AGGCCTCATT CTTTGAACAT CAACTCTGAA GTTTGATACA GATAGGGGCT TGATAGCTGT1680
GGTCCCCCTC CCCCTCTGAC TACCTAAAAT CAATACCTAA ATACAGAAGC CTTGGTCTAA1740
CACGGGACTT TTAGTTTTCG AAGGGCCTAG ATAGGGAGAG AGGTAACATG AATCTGGACA1800
GGGAGGGAGA TACTATAGAA AGGAGAACAC TGCCTACTTT GCAAGCCAGT GACCTGCCTT1860
TTGAGGGGAC ATTGGACGGG GGCCGGGGGC GGGGGTTGGG TTTGAGCTAC AGTCATGAAC1920
TTTTGGCGTC TACTGATTCC TCCAACCTC CACCCACAA AATAACGGGG ACCAATATTT1980
TTAACTTTGC CTATTTGTTT TTGGGTGAGT TTCCCCCTC CTTATTCTGT CCTGAGACCA2040
CGGGCAAAGC TCTTCATTTT GAGAGAGAAG AAAAAGTGT TGGAACCACA CCAATGATAT2100
TTTTCTTTGT AATACTTGAA ATTTATTTT TTATTATTTT GATAGCAGAT GTGCTATTTA2160
TTTATTTAAT ATGTATAAG AGCCTAAACA ATAGAAAGCT GTAGAGATTG GGTTCATTG2220
TTAATTGGTT TGGGAGCCTC CTATGTGTGA CTTATGACTT CTCTGTGTTT TGTGTATTTG2280
TCTGAATTAA TGACCTGGGA TATAAAGCTA TGCTAGCTTT CAAACAGGAG ATGCCTTTCA2340
GAAATTTGTA TATTTTGCAG TTGCCAGACC AATAAAATAC CTGGTTGAAA TACAAAAAAA2400
AAAAAAAAA CTCGAG 2416

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

```
GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
AGGGGCAGAG GCCCCACTGG CCACCCCTG CTTCCCAGAG TGAAACCTTG TGCCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
GGCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCGGGAGGA CCCATTTCATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GCGGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTCACG GCGGGCTGTG 780
CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTTACTAA TTATTATTTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCACGC AGGTTCACTC1080
CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTTCCC AAAGGGAGCA1200
AGAGGGAAGG ATTTGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260
AAGTCAGCGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CTTTGACCC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGTTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
GGTTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CCTTGTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCACTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAATC CTGAGACTCG CGTTTCCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTTCTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTCAATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTGTTG2340
TGCGTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCTT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAG CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
```

TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580  
GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640  
CCCACTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700  
AAGTTAAAGA AACTCAAAA 2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

CTCAATGCAG AGGATTTAAT CTAAAAGCAT ACAGAAATGC AGCTGAAATT GTGCAGTATG 60  
GAGTAAAAAA TAACACCACT TTTCTGGAGT GTGCCCCCAA GTCTCCGCAG GCATCTATCA 120  
AGTGGCTGTT ACAGAAAGAC AAAGACAGGA GGAAAGAGGT TAAGCTGAAT GAACGAATAA 180  
TAGCCACTTC ACAGGGACTC CTGATCCGCT CTGTTCAGGG TTCTGACCAA GGACTTTATC 240  
ACTGCATTGC TACAGAAAAT AGTTTCAAGC AGACCATAGC CAAGATCAAC TTCAAAGTTT 300  
TAGATTGAGA AATGGTGGCT GTTGTGACGG ACAAATGGTC CCCGTGGACC TGGGCCAGCT 360  
CTGTGAGGGC TTTACCCCTC CACCCGAAGG ACATCATGGG GGCATTGAGC CACTCAGAAA 420  
TGCAGATGAT TAACCAATAC TGCAAAGACA CTCGGCAGCA ACATCAGCAG GGAGATGAAT 480  
CACAGAAAAT GAGAGGGGAC TATGGCAAGT TAAAGGCCCT CATCAATAGT CGGAAAAGTA 540  
GAAACAGGAG GAATCAGTTG CCAGAGTCAT AATATTTTCT TATGTGGGTC TTATGCTTCC 600  
ATTAACAAAT GCTCTGTCTT CAATGATCAA ATTTTGAGCA AAGAACTTG TGCTTTACCA 660  
AGGGGAATTA CTGAAAAAGG TGATTACTCC TGAAGTGAGT TTTACACGAA CTGAAATGAG 720  
CATGCATTTT CTTGTATGAT AGTGACTAGC ACTAGACATG TCATGGTCCT CATGGTGCAT 780  
ATAAATATAT TTAACCTAAC CCAGATTTTA TTTATATCTT TATTCACCTT TTCTTCAAAA 840  
TCGATATGGT GGCTGCAAAA CTAGAATTGT TGCATCCCTC AATTGAATGA GGGCCATATC 900  
CCTGTGGTAT TCCTTTCCTG CTTTGGGGCT TTAGAATTCT AATTGTCAGT GATTTTGTAT 960  
ATGAAAACAA GTTCCAAATC CACAGCTTTT ACGTAGTAAA AGTCATAAAT GCATATGACA1020  
GAATGGCTAT CAAAAGAAAT AGAAAAGGAA GACGGCATT AAAGTTGTAT AAAAACACGA1080  
GTTATTGATA AAGAGAAAAT GATGAGTTTT TATGGTTCCA ATGAAATATG TTGGGGTTTT1140  
TTTAAGATTG TAAAAATAAT CAGTTACTGG TATCTGTCAC TGACCTTTGT TTCCTTATTC1200

```

AGGAAGATAA AAATCAGTAA CCTACCCCAT GAAGATATTT GGTGGGAGTT ATATCAGTGA1260
AGCAGTTTGG TTTATATTCT TATGTTATCA CCTTCCAAAC AAAAGCACTT ACTTTTTTTG1320
GAAGTTATTT AATTTATTTT AGACTCAAAG AATATAATCT TGCCTACTC AGTTATTACT1380
GTTTGTTCTC TTATTCCTTA GTCTGTGTGG CAAATTAAC AATATAAGAA GGAAAAATTT1440
GAAGTATTAG ACTTCTAAAT AAGGGGTGAA ATCATCAGAA AGAAAAATCA AAGTAGAAAC1500
TACTAATTTT TTAAGAGGAA TTTATAACAA ATATGGCTAG TTTTCAACTT CAGTACTCAA1560
ATTCAATGAT TCTTCCTTTT ATTAATAACCA GTCTCAGATA TCATACTGAT TTTTAAGTCA1620
ACACTATATA TTTTATGATC TTTTCAGTGT GATGGCAAGG TGCTTGTTAT GTCTAGAAAG1680
TAAGAAAACA ATATGAGGAG ACATTCTGTC TTTCAAAGG TAATGGTACA TACGTTCACT1740
GGTCTCTAAG TGTAAGAGTA GTAAATTTTG TGATGAATAA AATAATTATC TCCTAATTGT1800
ATGTTAGAAT AATTTTATTA GAATAATTTT ATACTGAAAT TATTTTCTCC AAATAAAAAAT1860
TAGATGGAAA AATGTGAAAA AAATTATTCA TGCTCTCATA TATATTTTAA AAACACTACT1920
TTTGCTTTTT TATTTACCTT TTAAGACATT TTCATGCTTC CAGGTAAAAA CAGATATTGT1980
ACCATGTACC TAATCCAAAT ATCATATAAA CATTTTATTT ATAGTTAATA ATCTATGATG2040
AAGGTAATTA AAGTAGATTA TGGCCTTTTT AAGTATTGCA GTCTAAAACT TCAAAAACTA2100
AAATCATTGT CAAAAATAAT ATGATTATTA ATCAGAATAT CAGAATATGA TTCACTATTT2160
AAACTATGAT AAATTATGAT AATATATGAG GAGGCCTCGC TATAGCAAAA ATAGTTAAAA2220
TGCTGACATA ACACCAAACT TCATTTTTTA AAAAATCTGT TGTCCAAAT GTGTATAATT2280
TTAAAGTAAT TTCTAAAGCA GTTTATTATA ATGGTTTGCC TGCTTAAAG GTATAATTAA2340
ACTTCTTTTC TCTTCTACAT TGACACACAG AAATGTGTCA ATGTAAAGCC AAAACCATCT2400
TCTGTGTTTA TGGCCAATCT ATTCTCAAAG TTAAGAGTAA AATTGTTTCA GAGTCACAGT2460
TCCCTTTATT TCACATAAGC CCAAACCTGAT AGACAGTAAC GGTGTTTAGT TTTATACTAT2520
ATTTGTGCTA TTTAATTCTT TCTATTTTCA CAATTATTAA ATTGTTGACA CTTTCATTAC2580
TTTTAAAAAT GTAGAAATTC TTCATGAACA TAACTCTGCT GAATGTAAAA GAAAATTTTT2640
TTTCAAAAAT GCTGTTAATG TATACTACTG GTGGTTGATT GGTTTTATTT TATGTAGCTT2700
GACAATTTCAG TGACTTAATA TCTATTCCAT TTGTATTGTA CATAAAAATT TCTAGAAATA2760
CACTTTTTTC CAAAGTGTA GTTTGTGAAT AGATTTTAGC ATGATGAAAC TGTGATAATG2820
GTGAATGTTT AATCTGTGTA AGAAAAACAA CTAAATGTAG TTGTCACACT AAAATTTAAT2880
TGGATATTGA TGAATCATT GGCCTGGCAA AATAAAACAT GTTGAATTCC CCAAAANNGT2940
NCTTTNAAAA GANGACTTGC AGGGTGCACA GTCAGAAATT GAGGCAA 2987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

```

TTTTTTCGGG AGGCAGAGTC TCCCTTTGTC GCCAGGCTGG AGTGCAGTGG TGCCATCTCG 60
GCTCACTGCA GCACTGTCTC GGCTCACTGC AGCCTCCGGC CTCCCGTATT CAAGCGATTG 120
TCCTGTCTCA GCCTCCTGAG TAGCTGGGAC TACAGGTGTG CACCACCACG CCCGGCTAAT 180
TTTTGTATTT TTAGTAGAGA CGGGGTTTCA CTGTGTTGGC CAGGATGGTC TCAATCTCGA 240
CCTCGTGATC CNGCCACCT TGGCCTCCCA AAGTGTGGG ATTACAGGCN GTGACTCACC 300
ATGCCCAGCC ACTTAGTTTT TTCTTATTCC CACCTTTCTA TCCCATAGAA CACTCTTTTT 360
TATCTTCCCT GAACCANTAT TGNATGAGAT AAATANGGGC TGGGGGCTGG GNCCCCGCNT 420
GNGTCACNTC AACANGAGTN ATTTNCCCTT GGNCNGNAGA TNGGAAGTTT TGTNCCCAAT 480
ANGATGNAGC TGCTNGAGTA TCAACAAGN TGACATTTTT CTGNCTGNCC CNATTTGTGT 540
CCTGGNNNAG ACNGGTNGGT ACCCTGAAGG NCAGANGGCC NAGCTGCCGC AAGACAGCAA 600
NTGACAGTCC ACCTGCCGAC CTGATTCCTG CATCATGGAA TAANCCACNA TGGCTACCTT 660
CTATCCTCTG TTNCCCAAAT GGTGGNNTGG CACTTATCCT GAAGTCGTCN AATGATTTCC 720
CTTTGNAAAC TACTTTATTT TACTAATTTA AACTATTTTG TACTGATGTA GCCCTGAGGT 780
ANGTTCATGA AAATGCTGTG CACTCATTC NATGGAATAA ATGTTGGAAA GCTGATCTTT 840
TCTGATATAA AATGTTGAAT GATANNAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 892

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1679 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```

GCACCCACTG GAAACACAGA CGGCACTCTG CGAAAGAGGA AGGGGCGCCA GGAGCTTGGA 60
TTAGAAAAC GAAGCTTCAA GAACAGACTT GCCTAACAAC AGGAAACTTG TATGTCTCGA 120

```

```

AGTGGCAATT CACACATAAG GCTCCATGAC TCCTGAACGC CTCACAAATA TTAGTTGGCT 180
CTTTTCATGG TTTTACTGAA CTTGCTAGAA GTTTACAGGC AAGGAAGTGC AGGAACATTT 240
CACAAATCTA CAATCTGTGA GTATCACATC CTGTATAGCT GTAAACACTG GAATAAGGAA 300
GGGCTGATGA CTTTCAGAAG ATGAAGGTAA GTAGAAACCG TTGATGGGAC TGAGAAACCA 360
GAGTTAAAC CTCTTTGGAG CTTCTGAGGA CTCAGCTGGA ACCAACGGGC ACAGTTGGCA 420
ACACCATCAT GACATCACAA CCTGTTCCCA ATGAGACCAT CATAGTGCTC CCATCAAATG 480
TCATCAACTT CTCCCAAGCA GAGAAACCCG AACCACCAA CCAGGGGCAG GATAGCCTGA 540
AGAAACATCT ACACGCAGAA ATCAAAGTTA TTGGGACTAT CCAGATCTTG TGTGGCATGA 600
TGGTATTGAG CTTGGGGATC ATTTTGGCAT CTGCTTCCTT CTCTCCAAAT TTTACCCAAG 660
TGACTTCTAC ACTGTTGAAC TCTGCTTACC CATTTCATAGG ACCCTTTTTT TTTATCATCT 720
CTGGCTCTCT ATCAATCGCC ACAGAGAAAA GGTTAACCAA GCTTTTGGTG CATAGCAGCC 780
TGGTTGGAAG CATTCTGAGT GCTCTGTCTG CCCTGGTGGG TTTCAATTATC CTGTCTGTCA 840
AACAGGCCAC CTTAAATCCT GCCTCACTGC AGTGTGAGTT GGACAAAAAT AATATACCAA 900
CAAGAAGTTA TGTTTCTTAC TTTTATCATG ATTCACTTTA TACCACGGAC TGCTATACAG 960
CCAAAGCCAG TCTGGCTGGA ACTCTCTCTC TGATGCTGAT TTGCACTCTG CTGGAATTCT1020
GCCTAGCTGT GCTCACTGCT GTGCTGCGGT GGAAACAGGC TTA CTCTGAC TTCCCTGGGG1080
TGAGTGTGCT GGCCGGCTTC ACTTAACCTT GCCTAGTGTA TCTTATCCCT GCACTGTGTT1140
GAGTATGTCA CCAAGAGTGG TAGAAGGAAC AACCAGCCAA TCACGAGATA CACATGGGAG1200
GGCATTTGCA TTGTGATGGA AGACAGAGAA GAAAAGCAGA TGGCAATTGA GTAGCTGATA1260
AGCTGAAAAT TCACTGGATA TGAAAATAGT TAATCATGAG AAATCAACTG ATTCAATCTT1320
CCTATTTTGT CAGCGAAGGG AATGAGACTC TGGGAAGTTA AATGACTGGC CTGGCATTAT1380
GCTATGAGTT TGTGCCTTTG CTGAGGACAC TAGAACCTGG CTTGCCTCCC TTATAAGCAG1440
AAACAATTTT TGCCACAACC ACTAGTCTCT TTAATAGTAT TGACTTGGTA AAGGGCATT1500
ACACACGTAA CTGGATCCAG TGAATGTCTT ATGCTCTGCA TTTGCCCCTG GTGATCTTAA1560
AATTCGTTTG CCTTTTAA GCTATATTAA AAATGTATTG TTGAATCAAA AAAAAAAGG1620
GAGTGAGAGG TGGGGTGGGG GGGGGGAGGA GGGGGGGCCG TTTAGGGGGG GCCGGGTTT 1679

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

TTCCAACGTT CCCCTTGCCT AAAATGTCCT GGCAAACCAT GGAAGCTTTG ATGCAAGAAC 60  
CCTGTTGTAC TGGAGTTTTT CTCCCTGTG AAAACGTAAC TTACTGTTGG GAGTGAATTG 120  
AGGATGTAGA AAGGGTGGTG GAACCAAAT GTGGTCAATG GAAATAGGAG AATATGGTTC 180  
TCACTCTTGA GAAAAAACC TAAGATTAGC CCAGGTAGTT GCCTGTAAC TCACTTTTTC 240  
TGCCTGGGTT TGATATAGTT TAGGGTTGGG GTTAGATTA GATCTAAATT ACATCAGGAC 300  
AAAGAGACAG ACTATTAAC CCACAGTTAA TTAAGGACGT ATGTTCCATG TTTATTGTTT 360  
AAAGCAGTGT GAATAGCCTT CAAGCATGTG AATAATCTTC CATCTTCCCC GCCACACATA 420  
CACACACACA CTTTTTGTTT CTTTCAGGTA GACACCTTTT AAAATGCAGA ACTAACTGAG 480  
GCATTTCACT AACTTTGCTT TCAAATCAAT AAAGTCAAAT GTATGGAAAC ATTTTGTGCC 540  
CTACTCTCCA TACCCCGTGT ACTCAAATTC TCTACTGTAT GAATTATGCT TTAAGTAGAA 600  
TTCAGTGCCA AGGAGAACTT GGTGAAATAA ATTATTTTAA TTTTTTTTTT ATCCTTTTACA 660  
AAGCCATGGA TTTTATTTGG TTGATGTGTG CTCTGTACAC AAGCCATTTT AATAGGATGG 720  
AGCTGTTAAT TATTTTCCAA AGAGTAATAG ACATGCAAAA GTTTCAATAA AAAGTGGGCC 780  
ATTAACAAAT AAATTAATAA ACTAATAAGC ATTCCCTTCT AGGTTTTTGC CAACTGCCT 840  
ATCCAATAAC AAATTTGAGA ATCGTTGAAA AAGCTAGTTA TATTTTCAGAG AAATGATTTT 900  
CATTATTGAA ACTGTTCTCC CTAGCAGGCC ATTTTCCCTT TTTCTGGGA GTTTAGCAAG 960  
TTTAGGAGAG AATAGTCATG AAAAGAAAGG GAAGAAAGGG GAGAAGGGAA GAGGTAAAAA 1020  
AGTAAGTGCT CAGACCTATG AACGTAATCC CTTTGCTAGA AATATTTAAG AGCAGCTCAG 1080  
CTTGGTTGAA ACTGAGTTTT GTCATCTTCC ATATTTGCAG GAAGGTATTT TCTGACTTGC 1140  
AATGCAGCTA GATGTAAAAT TTTATTTTAT CATACTAGAA AGCCTTGACT AGAAAAATGA 1200  
ATAAATATTG AGGGTTTCCT GTCCATATCT GGCTTGCTAG TGCCAGAAAG CAGAGAAATAG 1260  
AAAATGTAAT CTCCAACATC CAAGCATCGA AACCCAAGGG GTAGGCAATT CTATGTAGGT 1320  
TTTGGACATG AAGTTTGGTG CATCTTGGTT TATGCTGGCT CAACTGCTAT TAAACCTCTC 1380  
TGGCTTATAG TCTCTTCATT CTATTAGACA AGCAGTATC GAACACTTGC TTCGCACAAG 1440  
GCTCTTTAGT TAACAATTTA GCAGCTACTG TTTGTGTTAA ACACACTTTT CACCAAATAG 1500  
GTTCTGAGGC AAACGAGAGC AATGACTATT TAAAGAAAGG CTTTCCCAGC ATCACTTACA 1560  
CATCCCCAAA CTAAAAAGAT CAACTCTTCC AACTGAGAAA AGACTCCTGG CTTGAATGG 1620  
AAACTTACAG CAGAGAGTCA CAGGCCACGG CAACAACAAC GACAACAACA AACATTTGGA 1680  
ATATTATTCT CAACTCACGT TTTAATAATA CATCTTATTA TTTTCTAGT AGAGAAACTA 1740  
CAAATCAGCC TCTTCAACAT TTATATACAG TTTAATAAGC CTCTTGCAAG TTACTTGTTC 1800  
TCTCACCTGA GGTATTTTTT TCCTCCCCAC CTTGCCCCTG TTCCTCCCTT CCTCTTCTCC 1860  
CTTTGCAAGA GGAAATATTT AACATATTTG GGTCCAACCT CAATAATGTA ATAATTAATA 1920  
CATTAAAAGC ATTTAACTTC CTTTCTAGAA AAATGCACAG GCTAAGGCAT AGACAAAACA 1980  
AAGAGAAATG CTGAGAAATT TGCCACTGGA GACAAGCAAT CTGAATAAAT ATTTGCCAAA 2040  
AGTTCTTTTT ATGTCATATA GTGTCAGGAT TTGAAGGAGC TATTTTTTTT TAATGTTGCA 2100  
ACTAGCAACT CATCTTCGGA AGACACAGCC AGGAGAATGA AGTAGAAGTG AAAGGTTTAT 2160  
AAATCCATTT GTAAGCATTT ATCCCATATA TTTTAAATTC AAGAAAAATT GTGTTTATCT 2220  
TTAGAATTTT GTATTCAATA CTTTATGTAC TATGTGACTC ATGCTTCTGG ATAAATAAAG 2280  
CACCAAATAT GTATCTGTAA CCACAATCAC ACATATTATA TTAAATATAT ATCTATATAA 2340  
CAGCCAAAAA AAAAAAATAA AAACACAAGA AAAAGAAAGG GAGAGGGGGG GGGAGAGAAG 2400  
GGGGGGGAGG T 2411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3450 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

```
CTCGTCCCAA ACCAGGACAC CCTCTCTACA GTAAATACAT GCGTGGGGAT GTACTTGTGA 60
TGCTGAAGCA GACGGAATAA AATTACTTGG AGTGCCAAAA GGGAGAAGAC ACTGGCAGAG 120
TTCACCTGTC TCAAATGAAG ATTATCACTC CACTTGATGA ACATCTTAGA AGCAGACCAA 180
ACGATCCAAG CCACGCTCAG AAGCCTGTTG ACAGTGGTGC TCCTCATGCT GTCGTTCTTC 240
ATGATTTCCC AGCAGAGCAA GTTGATGATT TGAACCTCAC TTCTGGAGAA ATTGGTTTAT 300
CTTCTGGAGA AGATAGATAC AGATTGGTAC AGAGGGAACT GTAGAAACCA GATTGGCATA 360
TTTCCTGCCA ACTATGTCAA AGTGATTATT GATATCCCAG AAGGAGGAAA TGGGAAAAGA 420
GAATGTGTTT CATCTCATTG TGTTAAAGGC TCAAGATGTG TTGCTCGGTT TGAATATATT 480
GGAGAGCAGA AGGATGAGTT GAGTTTCTCA GAGGGAGAAA TTATTATTCT TAAAGAGTAT 540
GTGAATGAGG AATGGGCCAG AGGAGAAGTT CGAGGCAGAA CTGGGATTTT CCCCCTGAAC 600
TTTGTGGAGC CTGTTGAGGA TTATCCCACC TCTGGTGCAA ATGTTTTAAG CACAAAGGTA 660
CCACTGAAAA CCAAAAAAGA AGATTCTGGC TCAAACTCTC AGGTAAACAG TCTTCCGGCA 720
GAATGGTGTG AAGCTCTTCA CAGTTTTACA GCAGAGACCA GTGATGACTT ATCATTCAAG 780
AGGGGAGACC GGATCCAGAT TCTGGAACGT CTGGATTCTG ACTGGTGCAG GGGCAGACTG 840
CAGGACAGGG AGGGGATCTT CCCAGCAGTG TTTGTGAGGC CCTGCCCAGC TGAGGCAAAA 900
AGTATGTTGG CCATAGTACC GAAGGGGCAG GAAGGCCAAA GCCTTATATG ATTTCCGAGG 960
GGAGAATGAA GATGAACTTT CCTTCAAGGC TGGAGATATA ATAACAGAGC TGGAACTCTGT1020
AGATGATGAC TGGATGAGTG GAGAACTTAT GGGAAAATCT GGAATATTTT CCAAAAACTA1080
CATACAGTTT CTACAGATCA GCTAGAGGAG AAGCTTGTCT GTGTTCCCTG GCACAAGAAC1140
TCACTTGAAC TATCACCTTG ACTATCAGAT ATGTTTTTGC ACTATTTTTT TTAAGTGAAG1200
AAGAAATATC TAAGCTGTAC ATGGTACACT AGAATTTTCT GAAAGCAGAA AACGTTTCA1260
TTTTGTAGTT AATTTTCATT ACAATAGAAA CATGCACATG GAAACCCATG AGCTAGGATT1320
CTACCGAGGA AAACATCTAG TGGGATTAGC AAGGTGAAGG GAAAGCATCT GGTGGCATGG1380
CAGCATGGGG AGGCTCACAC ACAGAAGTTG CACGTGGACA TCTGTTTTAA TCAGCACAA1440
TGAATTAACC ATGCTTCTTC ATTTTTTTAC TTTAGTTAAA AAAGAGGACA TTTAATATTC1500
TACATGCTGT AACTATCAGG ACATGGTTAG CAATCTCAAT TTCATTTTTG ATATTCAAAT1560
TAATTCCTAC AGCTTGAGCA TATCAGCCTT ATTACCAGAG CAAATCCTTC CTTTCAATG1620
GATAGTTTAC TGACTAGTTG GAGCATTGTG AAGCACATGG TGAAATCAGC CCCTGCCAC1680
CAAATAATC TTTATGTTAC CAAGTGATTC CCATTTGTCT AAGGATTTGA AGGGGTCTA1740
AATTGGATGT ATCTTAGTCT AAAGAACCAA AACCATCCCT GAAATGCCTT GCTAATACAA1800
CTAATCCTTC CATATATGTG CCATACTTAT TTTTTCCTC AGTGTATACT TTATGTTAAC1860
AGGGTTATTA CAAAGCACAT TTTCTGAATC TGCAATCATT CCTTTGACAA TTACTGGACC1920
CAAAGGAAAA TTCATTTTCT TTGCATTATT CCAGTAATAT ATAAAACTG TGTCTTGTTA1980
TAGTAGTACA TTATGAATCA CATATAAAAT CTTACAATAC AGAACAACCTG TTAAGATGGA2040
```

```

AAACAGTGCC AAACCTCCAC AGCTCATTTT TTTGTAATAT AATCAGAATG AAAAATAATT2100
TAAGAGGACA GAAGACTGGT ACTTTTTTGT TTTATTTTTT CTCTAGCTTA TCCCTGCACA2160
ATTATTAGAG TGAATGAAAA ACCACTTTCC TGCTTTCCAT TGTTATAAAT TCTAAGCTTA2220
AGATAAAAGT GGTTCCTTAC ATGACTGAAT CAATTACAAT TTATGGGCTA GAGCCAAATA2280
GGTTGAAGAC AATCATCCAA ACAGATCAAT GGAATAGAAT TTCATTGGAA ATGTAAAACA2340
CTTTCCCAAC AATGGTCATG ACTTTCTTCT GTTTTGTAGA AGAGTTTCAT ATGCTGGACC2400
ACATTTTAGC TTTTATTGTT TTTTTTTTCC CATTGTCCAA AAAGTTAAGC AACAAGTGGC2460
CACACTTTTA CGTGACTACA ACCTGGAGTT CTGCAAAGAA GGTAATATTT ACTTGGTCTT2520
TGACTAAAGT TATCTCCCA TTCTATGGTT ACATTTTATT TTGGACTATG GGGACTTCTA2580
ATACGTTTTG GTAAAGAAGA GAGTATAAAG AAAATTCTTG TCAAATTTCA CTCAAAGTA2640
ATTTTCATGAG AAATCAATGA TTAAAGCAT TATCCAAATT AAATTATCAT TTGCAGCAAA2700
CTGTACAACA GCAGGAAGGA TATGGAATGG AACATGAGGT ATATATCTTT GCCTTTATAA2760
TTTTAACATC TTATATTGAA GATTCTGAAA ACCTATCTTT ATTAGAGGAA AATCTCAATC2820
TTCAGTTTTG GCCTTCTGTC ACCAGAATGA TAAGTGCAAT AGTTGTAAAT CACTTGACA2880
CTGTAATAAA CTGAACTGAA CTTTCAAAAT CCCTTCTCA TACTAGACTG AGTTTTTTTGA2940
GAATGGAGGT GGAACCTTTT TTTTTTTTTT TTGTGAGACA GGATTAAATT CCCTTCGACC3000
CAGGCTGGAG TGCAATGCAA TGTTGGCTCA CTGCAGCCTC TGCCTCCTGG GGCTCAAAGT3060
GATTCTCCTG CCACAGCCTC CTGAGTAGCT GGGACTACAG GCGCACACCA CCCGTGCCCA3120
GCTAATTTCT GGTATTTTTT TTTCTTTTGT TAGAGACAGG GTTTCGCCAT GTTGCCCAGG3180
CTGGGTTTCA AACACCTGGG CTCAAGCAGT CTGCCTGCCT CAGCCTCCCA AAGTGCTGGT3240
AATACTGCAC CTGGGCCTGT GGTACCTTAT TTATCTTGT ATCTCTAGTC CTTTGCACCA3300
TTCAGCCTCA ATAAAGGTTG GTTGGTGGGT TGGGTGAGTT GGTTGGTTGG AATGGATGGA3360
TGGATGGATG AATGACTTTC ACATACAGCA ATACCATCTT GGATTCACCT AATATCTTTC3420
CTCTTTAATT TTTGACATAA ATCTATACTA

```

3450

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177



```

CGGGGGCGAG CCGGGCCTGC GCGGTAGTGG GACCCGACCC TGTCTCCAGT GGGCGTCTTG 60
GGCCCCGGCT CTATTCTGGG CTGCGGGCCT GGGGAAGGGCT CGCCGGGTGC CAAATGAGCT 120
GTCCTAACTC TCGGGGGCTG CAGCTTCCTG CATGATGCTG GGGAGCTTGG CGCCTGACCC 180
AGGATCTAGA AGGCACTCTG GGCAGGCCGC GCTCCGCCCA CGAAGGTACC CAACCCTCTG 240
GGATAGATGC AGGAAGCGAT GGTAAAGACC CATTTTCACC CAACTTCTCG CCGCAGTCTG 300
GCTTACCACA CGCTCCTCCC CATTCCCAGT GAGCCGCTTT TTGCAGCACC AGGCGAACAC 360
TTACACCACT GCTTTGTAAA GGAATCTTAT TGTCACCCCC GTGTCTTGGC AAAAGAACAG 420
TGATCACACA GATTCTACT TGGGCTCTTT CCTTTAATCT TCGGAGGCTG AGTTTGCCCA 480
ACTCAGGTTT AACCACCAAG GACTCTGAGA GCTGGCAGGT CTGAGTAACC CTGGTAACAA 540
TTCTCTTCAC CTTATCAAAA CCTGAGCTAA AACCAATGCA TCAGCTGATG ATGACAGCAG 600
AGAGTGGCAG GGCTGAGGAC CCAAAGTCAT TTCCCAGGCT GGCGGAGAAT AAAGTCCAG 660
GGAGAAGAAT GAGAAGACAG GAGACAACT GTTTGGAAG CTAAATCTTC CCTCTTAATG 720
AATAAAGTT TTTGCCTTGT CTAAAAAAT AACAGGAAGA AGCAGGGAAA AATAAATAAC 780
TTATGGTAAT CTGGAATTGT ATTTTGTAAT ATTAAGTGTT TTGAACCTCT AACATTTACC 840
TTCCCCAAAA ATCGAACCTT CAGGTTTCAA AAAT 874

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

```

TACTTCTGCA TGATGACAGA AGCCGAGCAG GACAAGTGGC AGGCTGTGCT GCAGGACTGC 60
ATCCGGCACT GCAACAATGG AATCCCTGAG GACTCCAAGG TAGAGGGCCC TGCCTTCACA 120
GATGCCATCC GCATGTACCG ACAGTCCAAG GAGCTGTACG GCACCTGGGA GATGCTGTGT 180
GGGAACGAGG TGCAGATCCT GAGCAACCTG GTGATGGAGG AGCTGGGCCC TGAGCTGAAG 240
GCAGAGCTCG GCCCGGGCT GAAGGGGAAA CCGCAGGAGC GGCAGCGGCA GTGGATCCAG 300
ATCTCGGACG CCGTGTACCA CATGGTGTAC GAGCAGGCCA AGGCGCGCTT CGAGGAGGTG 360
CTGTCCAAGG TGCAGCAGGT GCAGCCGGCC ATGCAGGCCG TCATCCGAAC TGACATGGAC 420
CAAATTATCA CCTCCAAGGA GCACCTTGCC AGCAAGATCC GAGCCTTCAT CCTCCCCAAG 480
GCAGAGGTGT GCGTGCAGAA CCATGTCCAG CCCTACATCC CATCCATCCT GGAGGCCCTG 540

```

ATGGTCCCCA CCAGCCAGGG CTTCCTGAG GTGCGAGATG TCTTCTTCAA GGAGGTCACG 600  
GACATGAACC TGAACGTCAT CAACGAGGGC GGCAATTGACA AGCTGGGCGA GTACATGGAG 660  
AAGCTGTCCC GGCTGGCGTA CCACCCCTG AAGATGCAGA GCTGCTATGA GAAGATGGAG 720  
TCGCTGCGAC TGGACGGGCT GCAGCAGCGA TTTGATGTGT CCAGCACGTC CGTGTTC AAG 780  
CAGCGAGCCC AGATCCACAT GCGGGAGCAA ATGGACAATG CCGTGTATAC GTTCGAGACC 840  
CTCCTGCACC AGGAGCTGGG GAAGGGGCCC ACCAAGGAGG AGCTGTGCAA GTCCATCCAG 900  
CGGGTCCTGG AGCGGGTGCT GAAGAAATAC GACTACGACA GCAGCTCTGT GCGGAAGAGG 960  
TTCTTCCGGG AGGCGCTGCT GCAGATCAGC ATCCCGTTCC TGCTCAAGAA GCTGGCCCTT 1020  
ACCTGCAAGT CGGAGCTGCC CCGGTTCCAG GAGCTGATCT TCGAGGACTT TGCCAGGTT 1080  
ATCCTGGTGG AAAACACGTA CGAGGAGGTG GTGCTGCAGA CCGTCATGAA GGACATCCTG 1140  
CAGGCTGTGA AGGAGGCCGC GGTGCAGAGG AAGCACAAACC TCTACCGGGA CAGCATGGTC 1200  
ATGCACAACA GCGACCCCAA CCTGCACCTG CTGGCCGAGG GCGCCCCCAT CGACTGGGGC 1260  
GAGGAGTACA GCAACAGCGG CGGGGGCGGC AGCCAGCCC CAGCACCCCG GAGTCAGCCA 1320  
CCCTCTCGGA AAAGCGACGG CGCGCCAAGC AGGTGGTCTC TGTGGTCCAG GATGAGGAGG 1380  
TGGGGTGCC CTTTGAGGCT AGCCCTGAGT CACCACCACC TGCGTCCCCG GACGGTGTCA 1440  
CTGAGATCCG AGGCCTGCTG GCCCAAGGTC TGCGGCCTGA GAGCCCCCA CCAGCCGGCC 1500  
CCCTGCTCAA CGGGGCCCCC GCTGGGGAGA GTCCCCAGCC TAAGGCCGCC CCCGAGGCCT 1560  
CCTCGCCGCC TGCCTCACC CTCCAGCATC TCCTGCCTGG AAAGGCTGTG GACCTTGGGC 1620  
CCCCAAGCC CAGCGACCAG GAGACTGGAG AGCAGGTGTC CAGCCCCAGC AGCCACCCCG 1680  
CCCTCCACAC CACCACCGAG GACAGTGACG GGGTGACAGC TGAGTTCTAG GCCAGTGGGT 1740  
CCCTGACTGC TGCACATGGC ACAGGCCGTT CCCTTCCGGA CCCAGGCAGG CTCAGCTCTG 1800  
GGGAGGGCAC CCTGGTCTGT GCCTTGTTGGG TGGAGGCGGG GCAGGGCTGT GTGGCACC GC 1860  
CAGGGAGCGG GCCCACCTGA GTCACTTTAT TGGGTTCAAG CAACACTTTC TTGCTCCCTG 1920  
TTTTCTCTTC TGTGGGATGA TCTCAGATGC AGGGGCTGGT TTTGGGGTTT TCCTGCTTGT 1980  
GCCAAGGGCT GGACACTGCT GGGGGGCTGG AAAGCCCCCTC CCTTCCTGTC CTTCTGTGGC 2040  
CTCCATCCCC TCATGGGTGC TGCCATCCTT CCTGGAGAGA GGGAGGTGAA AGCTGGTGTG 2100  
AGCCAGTGG GTTCCCGCCC ACTCACCCAG GAGCTGGCTG GGCCAGGACC GGGAGAGGGA 2160  
GCACTGCTGC CCTCCTGGCC CTGCTCCTTC CGCAGTTAGG GGTGGACCGA GCCTCGCTTT 2220  
CCCCACTGTT CTGGAGGGAA GGGGAAGGAG GGGGTCTTCA GGCTGGAGCC AGGTGGGGG 2280  
TGCTGGGTGG AGAGATGAGA TTTAGGGGGT GCCTCATGGG GTGGGCAGGC CTGGGGTGAA 2340  
ATGAGAAAAG CCCAGAACGT GCAGGTCTGC GGAGGGGAAG TGTCTGAGT GAAGGAGGGG 2400  
ACCCCATCC TGGGGGATGC TGGGAGTGAG TGAGTGAGTG AGATGGCTGA GTGAGGGTTA 2460  
TGGGGAGCCT GAGGTTTTAT GGGCCTGTGT ATCCCTTCT CCCGGCCCCA GCCTGCCTCC 2520  
CTCCTGCCCG CCTGGCCAC AGGTCTCCCT CTGGTCCCTG TCCCTCTGGT GGTGGGGAT 2580  
GGAGCGGCAG CAAGGGGTGT AATGGGGCTG GGTCTGTCT TCTACAGGCC ACCCCGAGGT 2640  
CCTCAGTGGT TGCCTGGGA GCCGACGGG GCTCCTGAGG GGTACAGGTT GGGTGGGCC 2700  
TCCCTGAGGG TCTGGGGTCA GGCTTTGGCC TCTGCTGCCT CTCAGTCACC AAGTCACCTC 2760  
CCTCTGAAAA TCCAGTCCCT TCTTTGGATG TCCTTGTGAG TCACTCTGGG CCTGGCTGTC 2820  
GTCCCTCCTC AGCTTCTTGT TCCTGGGACA AGGGTCAAGC CAGGATGGGC CCAGGCCTGG 2880  
GATCCCCCAC CCCAGGACCC CCAGGCCCCC TCCCCTGCTG CTTTGCGGGG GGCAGGGCAG 2940  
AAATGGACTC CTTTGGGTG CCCGAGGTGG GGTCCCCTCC CAGCCCTGCA TCCTCCGTGC 3000  
CGTAGACCTG CTCCCAGAG GAGGGGCCCTT GACCCACAGG ACGTGTGGTG GCGCTGGCA 3060  
CTCAGGGACC CCCAGCTGCC CCAGCCCTGG TCTCTGGCGC ATCTCTTCCC TCTTGTCCC 3120  
AAGATCTGCG CCTCTAGTGC CTTTGGAGGG GTTCCCATCA TCCCTCCCTG ATATTGTATT 3180  
GAAAATATTA TGCACACTGT TCATGCTTCT ACTAATCAAT AAACGCTTTA TTTAAAGCCA 3240  
AAAAAAAAG AGGGCGAAAA AAGGG 3265

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

```
SLCVFPSSAA SFLSFLALVV AATMNKKKKP FLGMPAPLGY VPGLGRGATG FTTRSDIGPA 60
RDANDPVDDR HAPPGKRTVG DQMKNQAAD DDDDLNDTN YDEFNGYAGS LFSSGPYEKD 120
DEEADAIYAA LDKRMDERRK ERREQREKEE IEKYRMERPK IQQQFSDLKR KLAEVTEEEW 180
LSIPEVGDAK NKRQRNPRIE KLTPVPDSFF AKHLQTGENH TSVDPRQTQF GGLNTPYPGG 240
LNTYPYPGGMT PGLMTPGTVS WT 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWSELDMR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL 120
IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR 180
VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLGRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK 240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE 300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP 360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL 420
ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RLLAKARTV PPPPGCS 467
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

```
VRAGPEAAGQ GADSAPTARV FMKSVKLEWV QDNIRAAQDL CEEALRHYED FPKLWMMKGQ 60
IEEQKEMMEK AREAYNQGLK KCPHSTPLWL LLSRLEEKIG QLTRARAILE KSRLKNPKNP 120
GLWLESVRLE YRAGLKNIAN TLMAKALQEC PNSGILWSEA IFLEARPQRR TKSDVALLKKC 180
EHDPHVLLAV AKLFSQQRKI TKAREWFHRT VKIDSDLGDA WAFFYKFELQ HGTEEQQEEV 240
RKRCSAEPR HGELWCAVSK DIANWQKKIG DILRLVAGRI KNTF 284
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

```
QPGIKESILM KETQGPYQGQ FLGQDSHQHI THVLLGREKQ YIPVERSQSI SGRNVVKGGR 60
CYAAAPSVPE VAVIP 75
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

TFLLSLSYSS SRYFSQEFQR RLLKCLLAA QYQSINYPFW GLALEIIFVG RPNSSQQGSQ 60  
ACLLDLFPLR GRNEL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

QGTRHPQSL S HKPAKKIDVA RVTFDLYKLN PQDFIGCLNV KATFYDTYSL SYDLHCCGAK 60  
RIMKEAFRWA LFSMQATGHV LLGTSCYLQQ LLDATTEGQP PKGKASSLIP TCLKILQ 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
KSAAQ TAMTT PPQTPHPYF INRQDFPCIL LRISSSHSPA PSPMSWLHHC KTDLLQGSQK 60
LLLALYHFYP HLP PETATIH SHCPSALRPS SRADGSMVIL SWVLLKPSQ GADSQRASRV 120
SGLDDSKEGT PIFIFKTDIP RGF 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

```
TQTRHFQLAT QSGRAGGNTD LDIHKKIKPK IKHSILCPLK GLIKGTQSPP RSPLPCQHHK 60
ASSAHTKGLG RGILLPPHQ P QEWT 84
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
RHWGFTASIF SLKRFITSTS KEQTNWRNVC FFFLFIFKYS TAKFQISFTY RPCKGTVRTE 60
HLFYLRDKGV EIFSLNFIRK GWVQWLMPVI SAFWEAEAGR SLVARSLRPA WATQ      114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

```
NLINKKKKHT FLQLVCSLLV EVINRFKEKI LAVNPQCLQL FWQNIFKEIQ QANFEVLMKV 60
KEGGISSFGR NEKCLTRDIT THVGSGCFLP KTFREEVN                        98
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 437 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

```
KYELYTENAT  TEKTEPNSQE  DKNDGGKSRK  GNIELASSEP  QHFTTTVTRC  SPTVAFVEFP  60
SSPQLKNDVS  EEKDQKKPEN  EMSGKVELVL  SQKVVKPKSP  EPEATLTFFP  LDKMPEANQL  120
HLPNLSQVD   SPSSEKSPVM  TPFKFWAWDP  EEERRRQEKW  QQEQERLLQE  RYQKEQDKLK  180
EEWEKAQKEV  EEEERRYYEE  ERKIIEDTVV  PFTVSSSSAD  QLSTSSSMTE  GSGTMNKIDL  240
GNCQDEKQDR  RWKKSFGQDD  SDLLLKTRES  DRLEEKGSIT  EGALAHSGNP  VSKGVHEDHQ  300
LDTEAGAPHC  GTNPQLAQDP  SQNQOTSNPT  HSSEDVKPKT  LPLDKSINHQ  IESPERRKS   360
ISGKKLCSSC  GLPLGKGAAM  IIETLNLYFH  IQCFRCGICK  GQLGDAVSGT  DVRIRNGLLN  420
CNDCYMRSRS  AGQPTTL                                437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 331 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
SANHKLEVNG  TDGLAPVEVE  ELLRQASERN  SKSPTEYHEP  VYANPFYRPT  TPQRETVTPG  60
PNFQERIKIK  TNLGIGVNE  SIHNMGNLS  EERGNNFNHI  SPIPPVPHPR  SVIQQAEELK  120
HTPQKRLMTP  WEESNVMQDK  DAPSPKPRLS  PRETIFGKSE  HQNSSPTCQE  DEEDVRYNIV  180
HSLPPDINDT  EPVTMIFMGY  QQAEDSEEDK  KFLTGYDGII  HAELVVIDDE  EEEDEGEAEK  240
PSYHPIAPHS  QVYQPAKPTP  LPRKRSEASP  HENTNHKSPH  KNSISLKEQE  ESLGSPVHHS  300
PFDAQTTGDG  TEDPSLTALR  MRMAKLGKKV  I                                331
```



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

```
LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE 120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY 180
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

```
RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWKQ 240
```

RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQMSREL

290

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

GHGSYRTPKR SSTNCLGKFW ELADAKKKRK KVHQKQKRAT IRATELAKGK RHVGGSVSHL 60  
SPGTVKCVIT AQVHGKRQQQ KALCRLE 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

QFIQGMCSRK FAWYLFVKHL KVPQIGFKVP GAVGWHEDPR KATEHPARLL HRAGEVTFYL 60  
FFRLHPIFHL PFLQRAQGAI IF 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
DDRSHAFHHH KSVIDAMKGR PGQSPLFRPS QGTGRVPGTR QMLQDSVQAA LEEVAASEAL 60
LGPLSPPGKS RDGNASAGEG CQVFRSPPSE VPSPPGQDTP TSTFLKRRWD SQVTLLPSKK 120
CKSQQLQESV SQFPPSPGGR REGPWSSLGA GGPSSHISAK YFPLPVQPAC PCTSLEAGHR 180
PGRCDVLQES QGVDHPANLR LSSGTSCRRG LNPTPVQVRS HEASSQVKMH QTVTWRFYTF 240
LNFQQLGACL L 251
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
FAKGLDRERG NMNLDREGDT IERRTLPTLQ ASDLPFEGTL DGGRGRGLGL SYSHELLAST 60
DSSNSPPHKI TGTNIFNFAY LFLGEFPFSL FCPETTGKAL HFEREEKLFG TTPMIFFFVI 120
LEIYFFIILI ADVLFIYLIC IRSLNNRKL 149
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIONIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSLTM CSHTHAQTKH 120
RHRRVSNSLT LIGKQAWDIP LQ 142
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

```
QCRGFNLKAY RNAAEIVQYG VKNNTTFLEC APKSPQASIK WLLQKDKDRR KEVKLNERII 60
ATSQGLLIRS VQGSDQGLYH CIATENSFKQ TIAKINFKVL DSEMVAVVTD KWSPWTWASS 120
VRALPFHPKD IMGAFSHSEM QMINQYCKDT RQQHQQGDES QKMRGDYGKL KALINSRKSR 180
NRRNQLPES 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

```
FFREAESPFV ARLECSGAIS AHCSTVSAHC SLRPPVFKRF SCLSLSSWD YRCAPPRPAN 60
FCIFSRDQVS LCWPGWSQSR PRDPAHLGLP KCWDYRX 97
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201

```
ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
PGVSVLAGFT 250
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202

```
EKTPGFEWKL TAESHRPRQQ QRQQQTFGIL FSTHVLIIHL IIFLVEKLQI SLFNIYIQFN 60
KPLASYLFSH LRYFFPPHLA PVPPFLFSLC KRKYLTYLGP TSIM 104
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 203

```
HKKNFWQIFI QIACLQWQIS QHFSLFCLCL SLCIFLERKL NAFNVLIITL LKLDPNMLNI 60
SSCKGRRGRE EQQGGEEN TSGERTSNLQ EAY 93
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 204

```
RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIGLS SGEDRYRLVQ REL 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

```
TSLLEKLVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS 60
RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS 120
GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL 180
DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS MLAIVPKGQE GQSLI 225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

```
CIGFSSGFDK VKRIVTRVTQ TCQLSESLVV KPELGKLSLR RLKERAQVGI CVITVLLPRH 60
GVDNKIPLQS TGVSVRLVLQ KAAHWEWGGA CGKPDCEGL GENG S 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

LCGAAASCMM LGSLAPDPGS RRHSGQAALR PRRYPTLWDR CRKRWLRIPIF TQLLAAVWLT 60  
TRSSPFPVSR FLQHQAANTYT SAL 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 581 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

YFCMMTEAEQ DKWQAVLQDC IRHCNNGIPE DSKVEGPAFT DAIRMYRQSK ELYGTWEMLC 60  
GNEVQILSNL VMEELGPELK AELGPRLK GK PQERQRQWIQ ISDAVYHVMV EQAKARFEEV 120  
LSKVQQVQPA MQAVIRTDMD QIITSKEHLA SKIRAFILPK AEVCVRNHVQ PYIPSILEAL 180  
MVPTSQGFTE VRDVFFKEVT DMNLNVINEG GIDKLGEYME KLSRLAYHPL KMQSCYEKME 240  
SLRLDGLQQR FDVSSTSVFK QRAQIHMREQ MDNAVYTFET LLHQELGKGP TKEELCKSIQ 300  
RVLERVLK KY DYDSSSVRKR FFREALLQIS IPFLLKKLAP TCKSELPRFQ ELIFEDFARF 360  
ILVENTYEEV VLQTVMKDIL QAVKEAAVQR KHNLYRDSMV MHNSDPNLHL LAEGAPIDWG 420  
EEYSNSGGGG SPAPAPRSQP PSRKSDGAPS RWSLWSRMRR WGCPLRLALS HHHLRPRTVS 480  
LRSEACWPKV CGLRAPHQA PCSTGPPLGR VP SLRPPRP PRRLPHPSI SCLERLWTLG 540  
PPSPATRRLE SRCPAPAATP PSTPPPRTVQ GCRLSSRPVG P 581

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 466 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

```
PQRAAPPPHP GPQRPPAWRA VAFPRGWLTP GCWGWAAAPA AVAVLLAPVD GGALGQQVQV 60
GVAVVHDHAV PVEVVLPLHR GLLHSLQDVL HDGLQHLLV RVFHQDEPGK VLEDQLLEPG 120
QLRLAGRGQL LEQERDADLQ QRLPEEPLPH RAAVVVVFLQ HPLQDPLDGL AQLLLGGPLP 180
QLLVQEGLER IHGIVHLLPH VDLGSLLEHG RAGHIKSLQ PVQSQRLLHL IAALHLQGVV 240
RQPGQLLHVL AQLVNAALVD DVQVHVRDLL EEDISHLSEA LAGGDHQGLQ DGWDVGLDMV 300
PHAHLCLGED EGSDLAGKVL LGGDNLVHVS SDDGLHGR LHLLGQHLL ARLGLLVHHV 360
VHGVRDLDP PLPLRFPLQ PRAELCLQR AQLLHHQVAQ DLHLVPTQHL PGAVQLLGLS 420
VHADGICERR ALYLGVLRDS IVAVPDAVLQ HSLPLVLLGF CHHAEV 466
```

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, zur Verwendung als

Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

37. Die Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

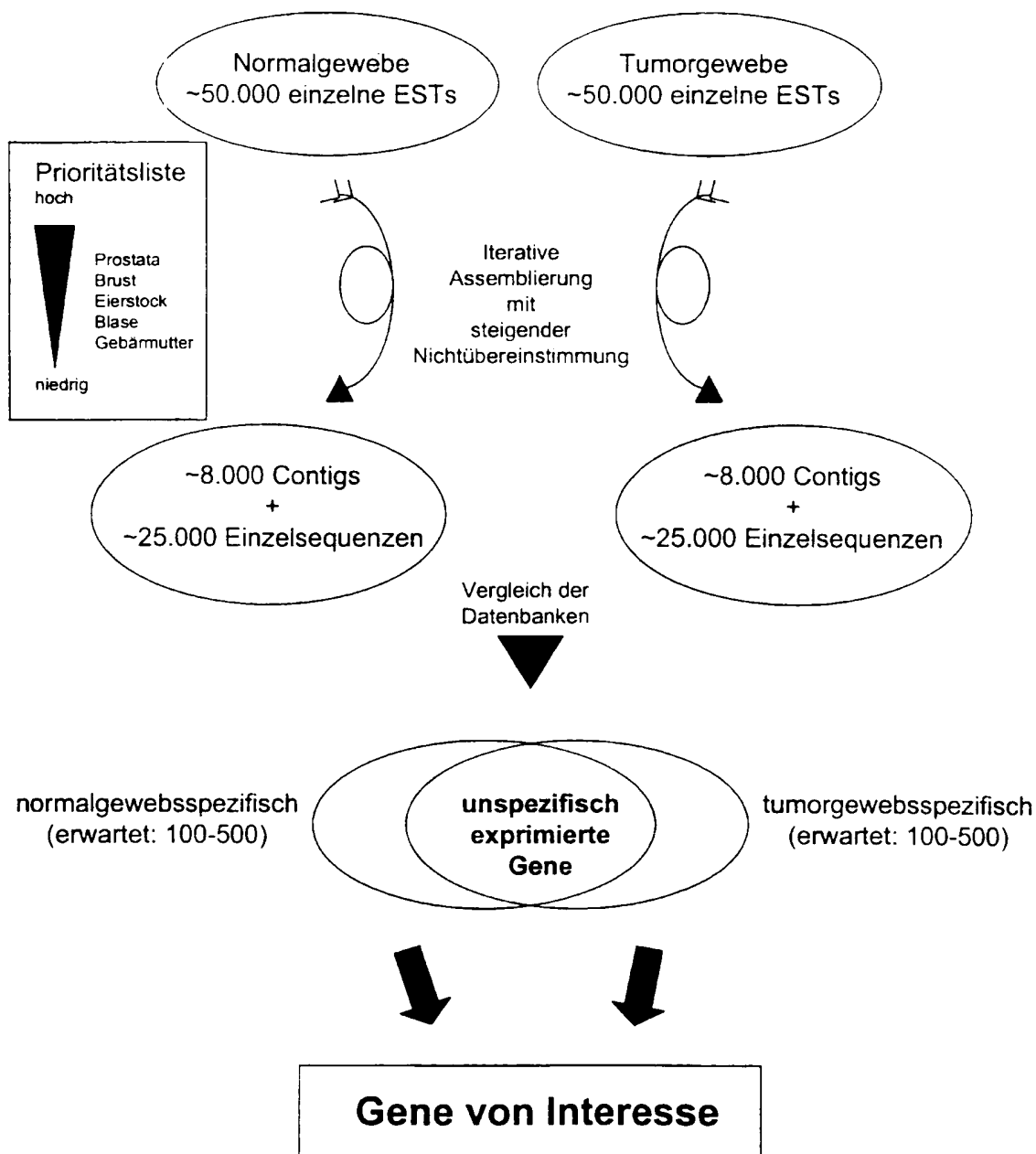


Fig. 1



2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

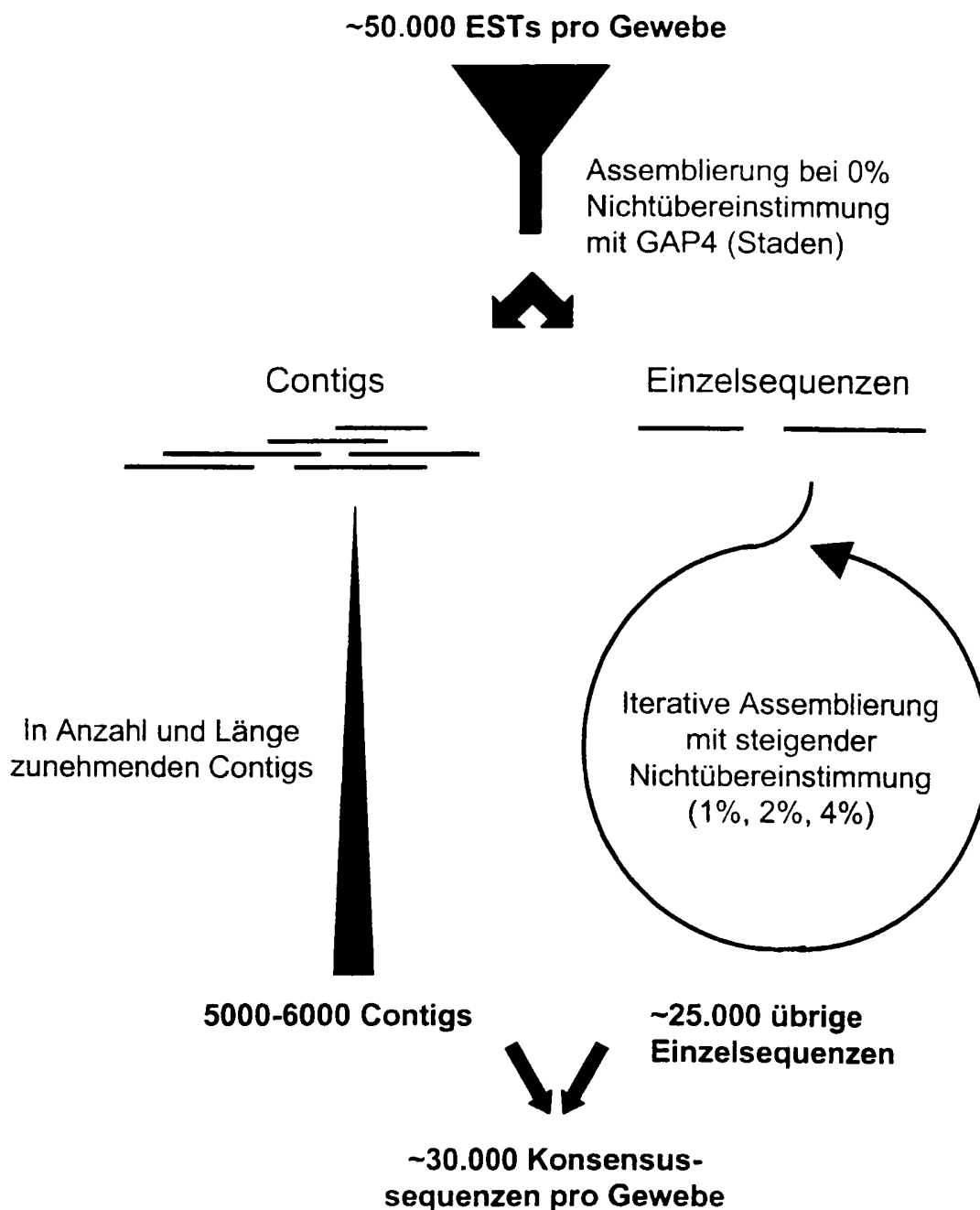


Fig. 2a

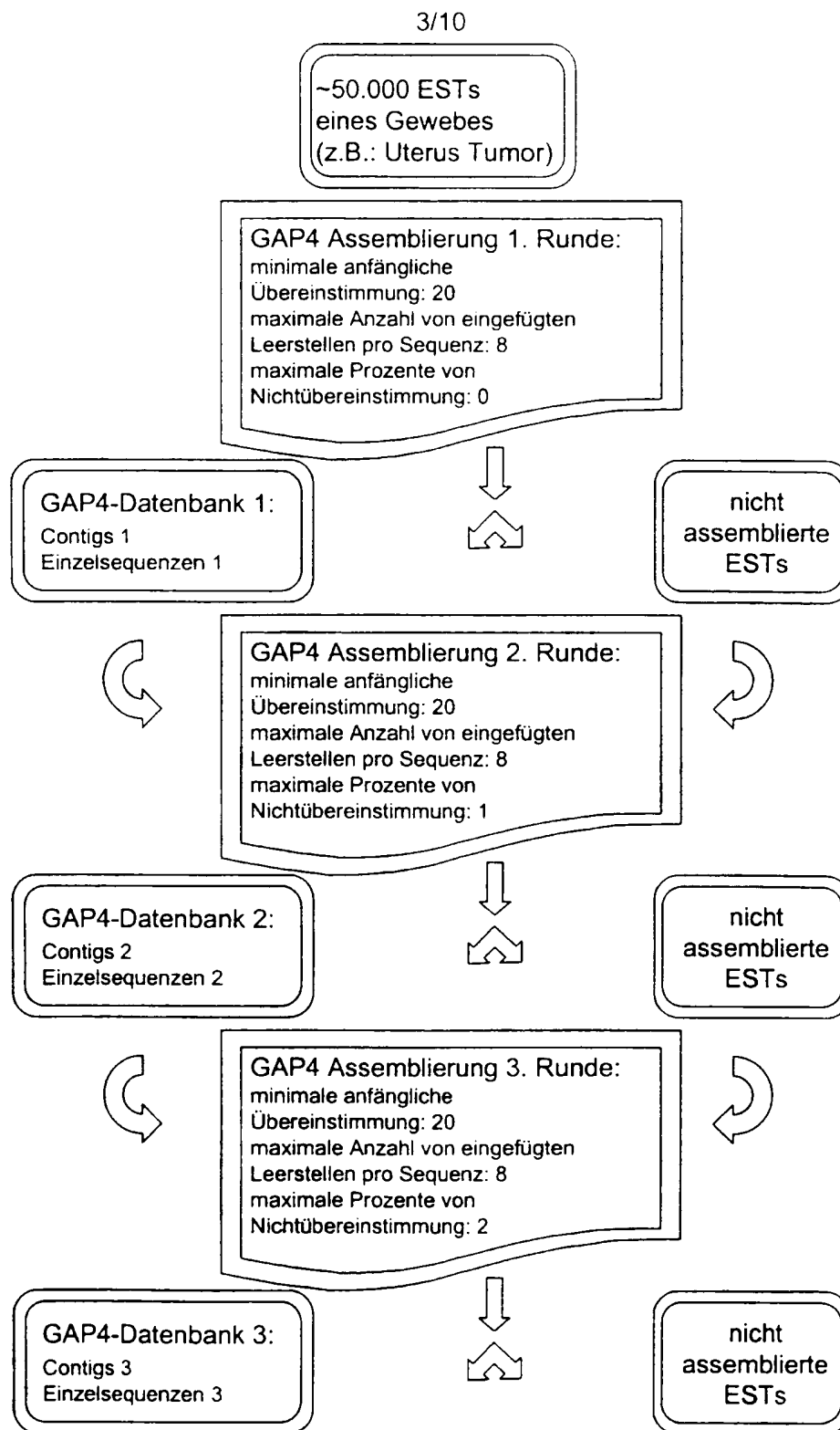


Fig. 2b1

4/10

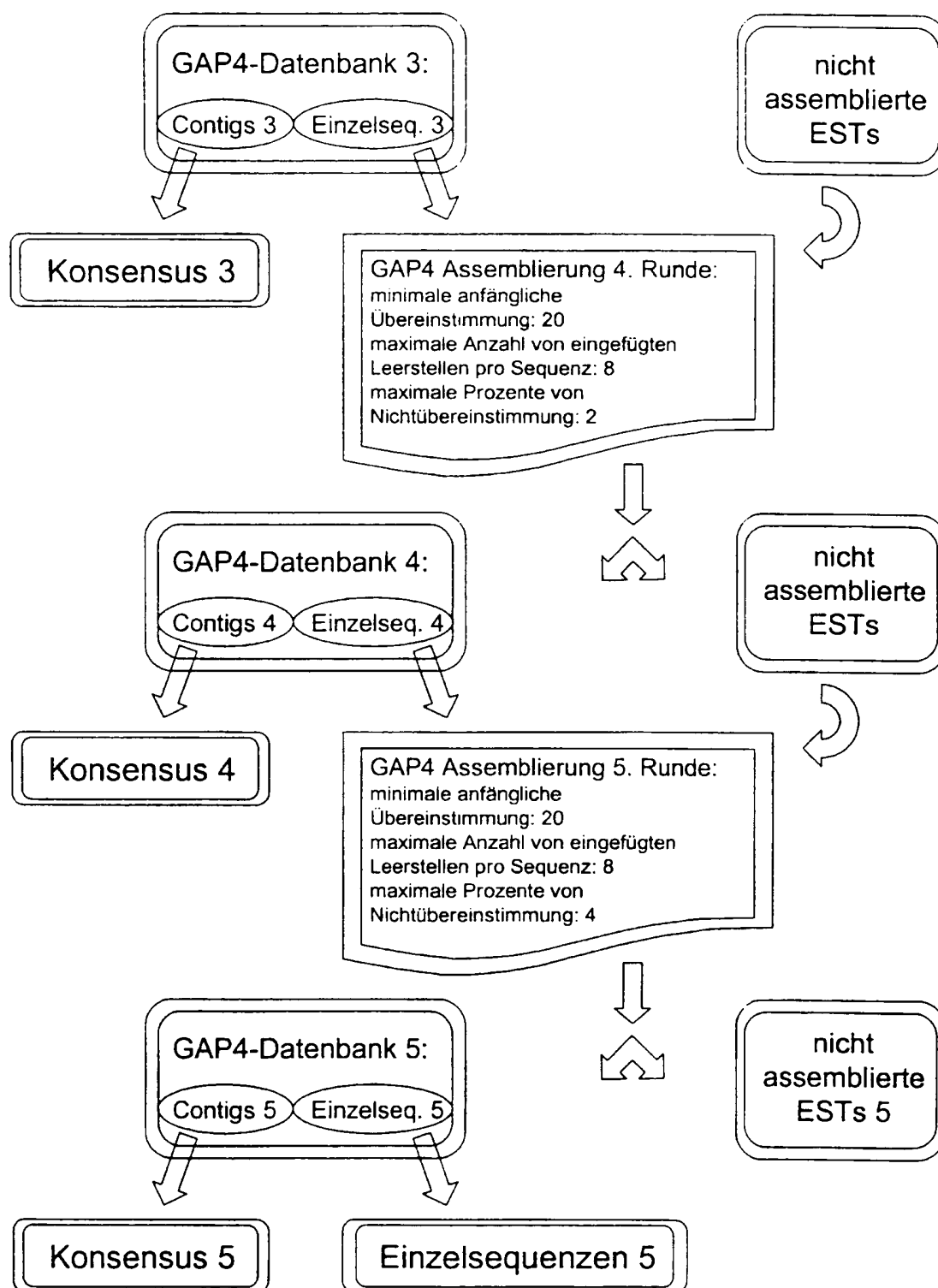


Fig. 2b2

5/10

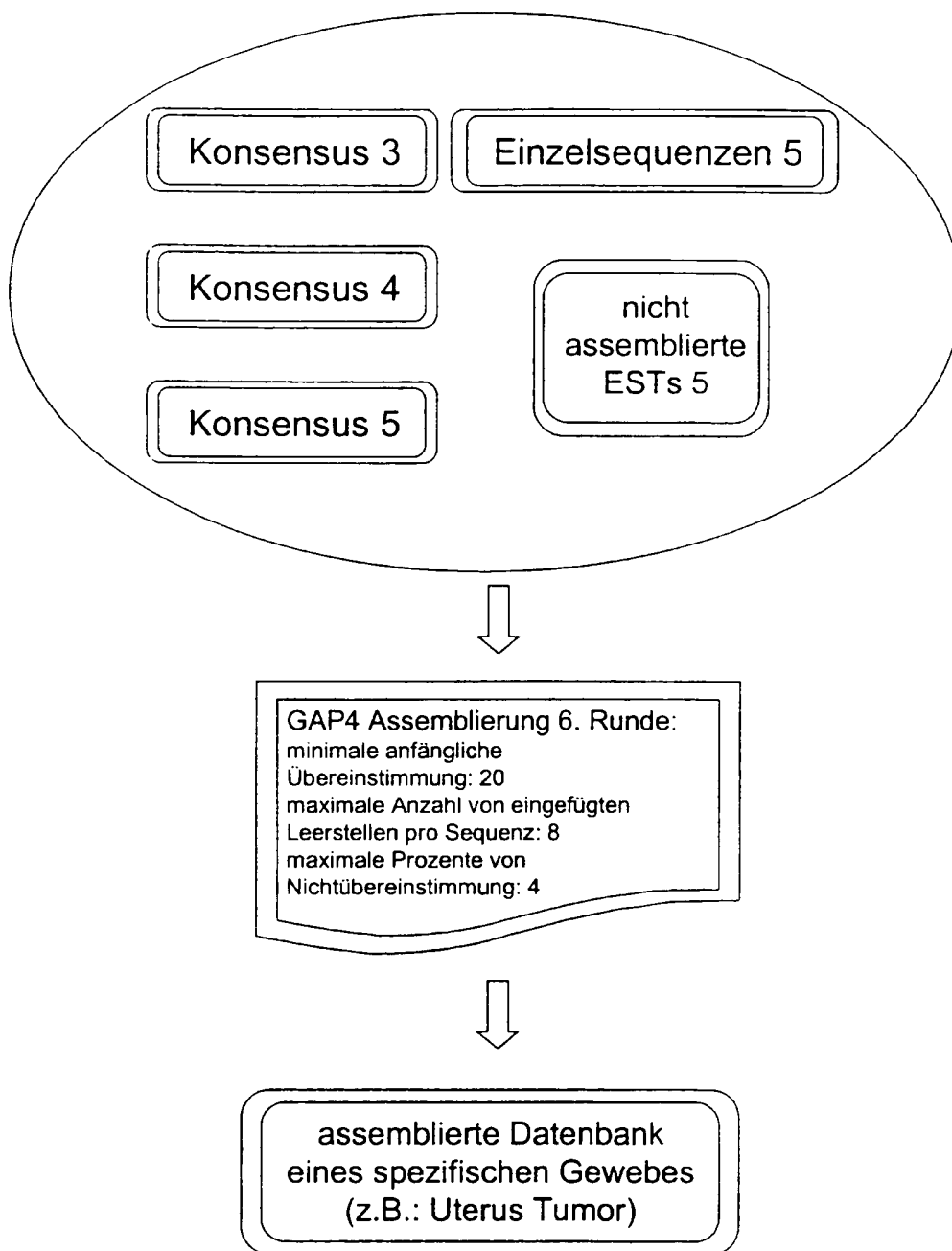


Fig. 2b3

6/10

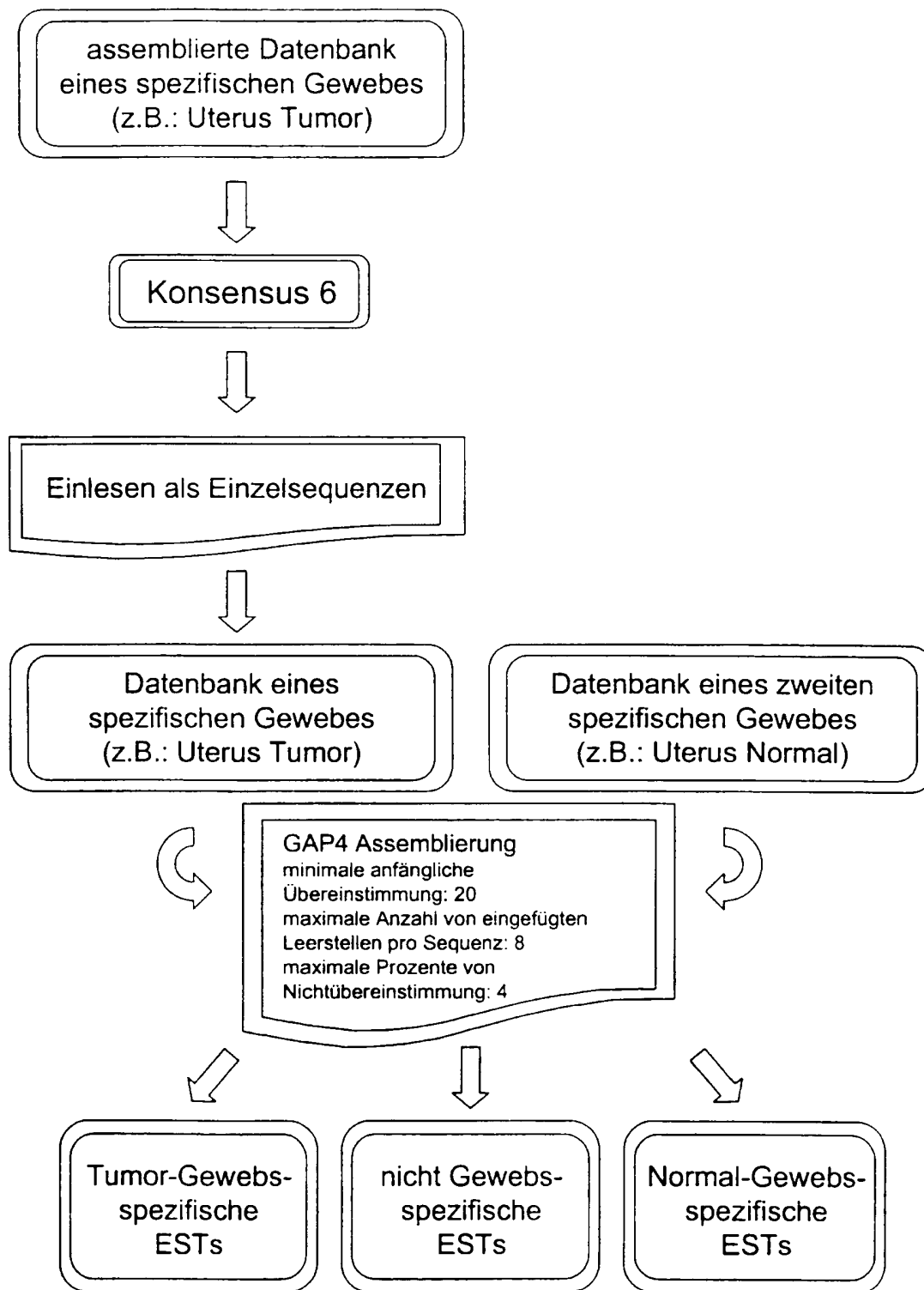


Fig. 2b4

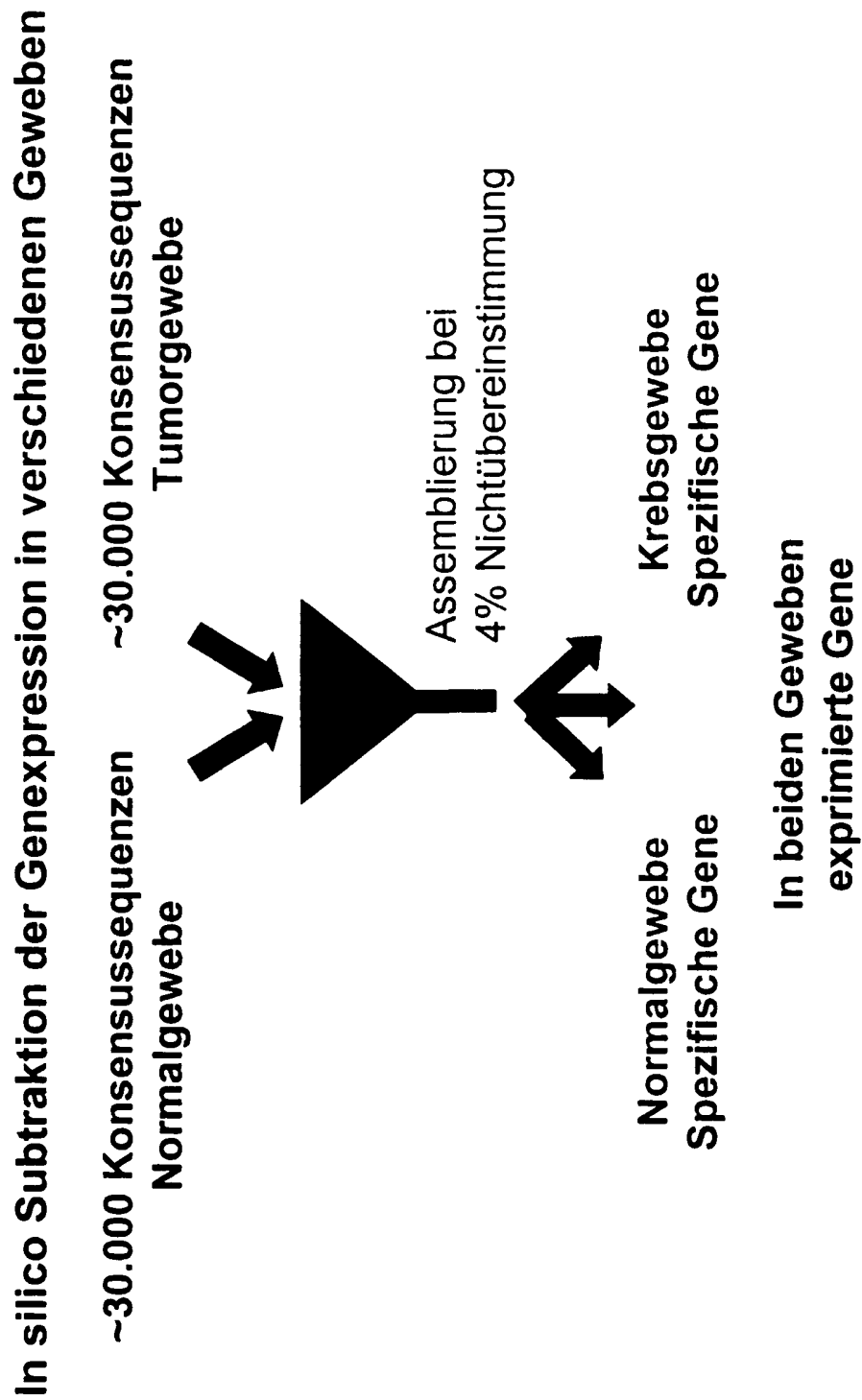


Fig. 3

8/10

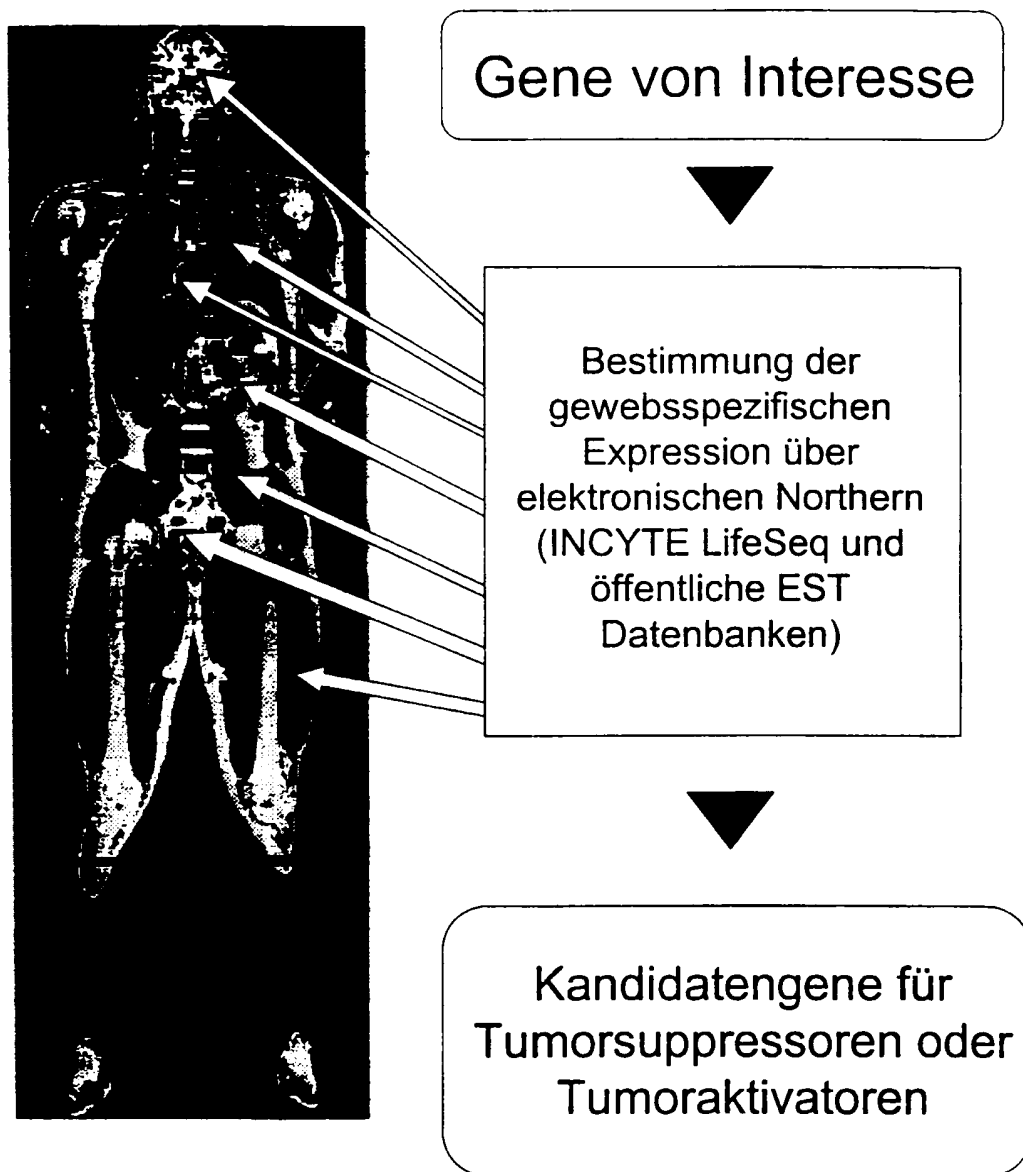


Fig. 4a

9/10

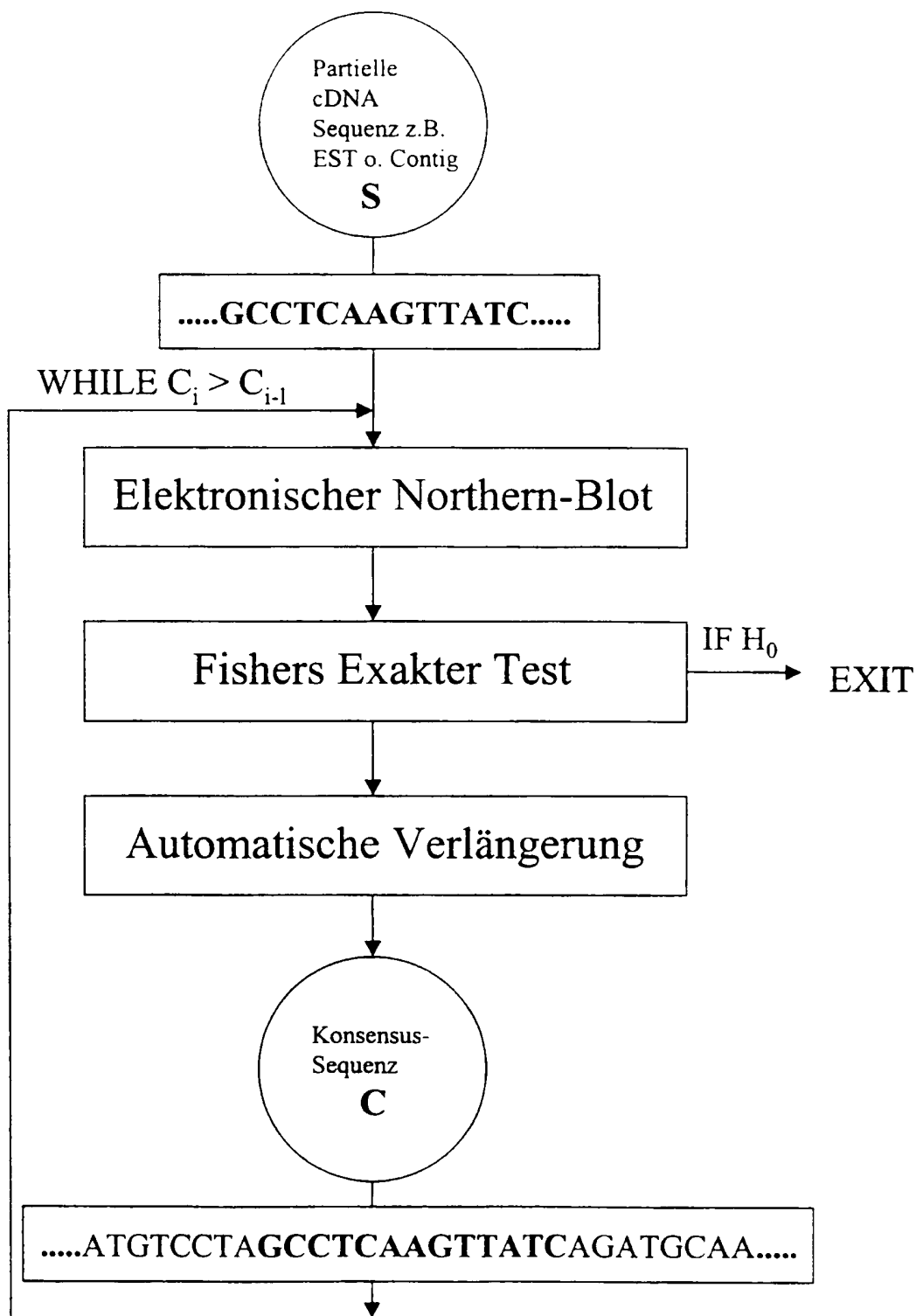


Fig. 4b



10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5